Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

- Catch me if you can - Identifikation neuer Substrate Mitogen-aktivierter Proteinkinasen (3/6) in *Arabidopsis thaliana* mittels eines Phosphoproteomics-basierten Ansatzes

Dissertation

zur Erlangung des
Doktorgrades der Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.)

Der

Naturwissenschaftlichen Fakultät I
- Biowissenschaften -
der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,

vorgelegt von Frau Ines Lassowskat
geb. am 06.02.1984 in Görlitz

Gutachter/in	**Verteidigungsdatum**
1. Prof. Dr. Dierk Scheel	21.05.2014
2. Prof. Dr. Sacha Baginsky	
3. Prof. Dr. Wolfram Weckwerth	

In der Wissenschaft gleichen wir alle nur den Kindern, die am Rande des Wissens hier und da einen Kiesel aufheben, während sich der weite Ozean des Unbekannten vor unseren Augen erstreckt!

Sir Isaac Newton (1871-1914)

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis **v**

Tabellenverzeichnis **vii**

Verzeichnis der MS-Log-Dateien **ix**

Abkürzungsverzeichnis **xi**

1 Einleitung **1**

1.1 Phosphoproteomics als Ergänzung zum klassisch molekularbiologischen Ansatz 2

1.1.1 Bedeutung der Phosphoproteomic für Pflanzen . . . 2

1.1.2 Methoden und Herausforderungen in der Pflanzen-Phosphoproteomic . 3

1.2 Angeborene Immunität in *Arabidopsis thaliana* . . . 5

1.2.1 PAMPs - der erste Schritt der induzierbaren Abwehrreaktion . . . 5

1.2.2 MAPK-Kaskaden als zentraler Bestandteil der Signalverarbeitung . . . 11

1.3 Camalexin und Glucosinolate als antimikrobielle Substanzen während der Pathogenabwehr . . . 15

1.4 Zielsetzung . . . 18

2 Material und Methoden **19**

2.1 Material . . . 19

2.1.1 Pflanzen . . . 19

2.1.2 Chemikalien und Kits . . . 19

2.1.3 Geräte und Software . . . 19

2.2 Methoden . . . 20

2.2.1 Pflanzenanzucht . . . 20

2.2.2 Behandlung und Ernte . . . 20

2.2.3 Generation der Transformanten-Linien . . . 21

2.2.4 Phenolische Proteinextraktion . . . 23

2.2.5 Vorfraktionierung der Proteinextrakte . . . 24

2.2.6 Proteinquantifizierung . . . 25

2.2.7 Metalloxid-Affinitätschromatographie (MOAC) . . . 25

2.2.8 1D-Gele zur visuellen Analyse von Proteinproben . . . 26

2.2.9 Immunoblot-Detektion . . . 27

2.2.10 Färbemethoden . . . 29

2.2.11 Identifizierung von Proteinen mittels Massenspektrometrie . . . 29

2.2.12 Identifizierung von Metaboliten mittels Massenspektrometrie . . . 33

3 Ergebnisse **35**
3.1 Entwicklung einer geeigneten Strategie zur Anreicherung von Phosphoproteinen 35
3.1.1 Fraktionierung der Proteinextrakte . . . 35
3.1.2 MOAC zur Phosphoprotein-Anreicherung . . . 37
3.1.3 Nachweis der Reproduzierbarkeit der kombinierten Methode (–) PAPE . 39
3.1.4 Massenspektrometrisch-basierte Analyse des Phosphoprotein-Gehalts . . 42
3.2 Phosphorylierung von MAPKs durch ein induzierbares System . . . 47
3.2.1 Generation geeigneter Transformanten . . . 47
3.2.2 Reaktion der Transformanten-Linien auf DEX-Induktion . . . 49
3.2.3 Zeitverlauf der Induktion des MKK5-Proteins . . . 51
3.2.4 Zeitverlauf der Phosphorylierung der MPK 3 und/oder 6 . . . 52
3.2.5 Unterschiede in der Proteinexpression der verschiedenen Transformanten-Linien . . . 53
3.2.6 Veränderung des Metabolit-Musters nach Aktivierung von MPK3/6 . . 59
3.3 Anwendung der PAPE mit den Transformanten-Linien zur Identifikation neuer MPK3/6 Zielproteine . . . 63
3.3.1 Vergleich der DEX-behandelten Linien Col-0 DD/KR auf Basis von massenspektrometrischen Analysen . . . 63
3.3.2 Vergleich der DEX-behandelten Linien *mpk3* DD und *mpk6* DD auf Basis von massenspektrometrischen Analysen . . . 68
3.3.3 Untersuchung potentieller MPK3/6 Ziele in Bezug auf das Vorhandensein geeigneter Phosphorylierungsstellen . . . 70

4 Diskussion **75**
4.1 Einfluss des aktiven MKK5 Proteins in *Arabidopsis thaliana* . . . 75
4.1.1 Phänotypische Auswirkungen der Aktivierung von MKK5 . . . 75
4.1.2 Betrachtung des Proteomics-Profils hinsichtlich der MPK3/6-Aktivierung 77
4.1.3 Vielfältige Metabolit-Änderungen spiegeln das Proteomics-Profil wider . 80
4.2 Phosphoproteomics als Mittel zum Zweck . . . 82
4.3 Verknüpfung der PAPE mit dem *in vivo*-System . . . 86
4.3.1 Betrachtung bekannter Substrate aus dem Kernexperiment . . . 87
4.3.2 Putative Rolle von VQ4 in der Camalexin-Biosynthese . . . 88
4.3.3 Bedeutung der WRKY-Transkriptionsfaktor-Familie . . . 91
4.3.4 Biosynthese indolischer Glucosinolate ist MPK3/6 abhängig . . . 92
4.3.5 Weitere putative Substrate . . . 94
4.4 Limitationen der vorliegenden Arbeit . . . 95
4.5 Fazit und weiterführende Arbeiten . . . 97

5 Zusammenfassung **99**

Literaturverzeichnis **101**

A Anhang - Abbildungen **125**

B Anhang - Tabellen **135**

C Anhang - MS-Log-Dateien **147**

Eidesstattliche Erklärung **149**

Lebenslauf **151**

Publikationsliste **153**

Abbildungsverzeichnis

1.1 Stress-Perzeption und -Adaption in *Arabidopsis thaliana* 1
1.2 Schematischer Aufbau der LTQ Orbitrap Velos Pro 4
1.3 Zig-Zag Modell der Pflanzenimmunität 6
1.4 MAPK-Netzwerke nach PAMP-Perzeption am Rezeptor 14
1.5 Camalexin-Biosynthese und regulatorische Mechanismen 17

2.1 Vektor pTA7002 MEK2 21
2.2 Prozessierungsschema im Proteome Discoverer 1.3 32

3.1 Fällung von Col-0 Totalextrakt in 20%-Ammoniumsulfat-Schritten 36
3.2 Arbeitsschema für vergleichende Analysen von Phosphoprotein-Anreicherungen 37
3.3 Vergleich der MOAC aus Totalextrakt und der 40% AS-Fraktion 38
3.4 Reproduzierbarkeit der Proteinmengen in der PAPE 39
3.5 Unterschiede in der Proteinzusammensetzung der Fraktionen 40
3.6 Variabilität und Reproduzierbarkeit der in Abb. 3.3 beschriebenen Fraktionen. . 41
3.7 Änderungen in der Zusammensetzung der Phosphoproteine/-peptide 42
3.8 Hygromycin-Selektion transformierter Samen 48
3.9 Selektion von positiven Transformanten mittels Standard-PCR 48
3.10 Selektion der F1-/F2-Generation per Immunoblot 49
3.11 Visuelles Überprüfen der F3-Generation durch DEX-Behandlung 50
3.12 Zeitlicher Verlauf der Phosphorylierung von MPK3 und MPK6 52
3.13 Veränderung der Proteinzusammensetzung innerhalb eines Tages nach DEX-Behandlung 54
3.14 Regulation der Proteine nach DEX-Behandlung in Col-0 DD-Pflanzen 55
3.15 Veränderte Abundanz verschiedener GSTFs nach DEX-Behandlung 56
3.16 Protein-Cluster verändern sich nach DEX-Behandlung 57
3.17 Putative MPK3/6-Substrate lagen in ihrer Proteinabundanz unverändert vor . . 58
3.18 Einordnung der nach Phosphorylierung von MPK3/6 sich ändernden Metabolite 59
3.19 Camalexin-Metabolismus nach MPK3/6-Phosphorylierung 60
3.20 Metabolismus indolischer Glucosinolate nach MPK3/6-Phosphorylierung 61
3.21 Mutanten-Hintergrund beeinflusst die metabolische Modulation 62
3.22 PAPE-Proteinzusammensetzung verschiedener Zeitpunkte des Kernexperiments 64
3.23 Netzwerk-Analyse der hochregulierten Proteine nach vier Stunden 67
3.24 Differentielle, putative Phosphoproteine in *mpk3* DD und *mpk6* DD 68
3.25 Putative Substrate von MPK6 aus der Camalexin- und Glucosinolat-Biosynthese 69
3.26 Anzahl der Phosphopeptide der einzelnen Experimente 70
3.27 SP/TP-Phosphorylierung ausgewählter Proteine 71

3.28 Häufigkeit der Phosphorylierungen in VQ4 72

4.1 Einordnung der Transformanten-Linien innerhalb des MAPK-Signalweges 76
4.2 Biotischem Stress zugeordnete, veränderte Proteine 78
4.3 Biosynthese von Glucosinolaten und Camalexin 90
4.4 Putative Substrate in der Übersicht 98

A.1 Abundanzen verschiedener Proteine in den Fraktionen 125
A.2 Niedrig-abundante Proteine in den verschiedenen Fraktionen 125
A.3 Funktionelle Charakterisierung der Proteine aus der PAPE-Fraktion 126
A.4 Proteine mit identifizierter Phosphorylierung 126
A.5 Selektion der F1-/F2-Generation per PCR und Immunoblot für Col-0 KR . . . 127
A.6 Zeitverlauf der MKK5-Induktion im Vergleich 128
A.7 ROS-Produktion in Col-0 DD 128
A.8 Technische Qualität der Metabolit-Messungen 129
A.9 Chromatogramm von Metaboliten aus dem Camalexin-Metabolismus 130
A.10 Weitere Metabolit-Änderungen nach MPK3/6-Phosphorylierung 133

Tabellenverzeichnis

1.1 Bekannte und vorhergesagte, pflanzliche Rezeptoren zur Erkennung konservierter Mikrobenstrukuturen . . . 8

2.1 Verwendete Kits . . . 19
2.2 Verwendete Geräte und Software . . . 19
2.3 PCR-Programm . . . 22
2.4 Verwendete Primer . . . 23
2.5 Lösungen für phenolische Extraktion . . . 24
2.6 Lösungen für MOAC . . . 26
2.7 Lösungen der SDS-PAGE . . . 26
2.8 Lösungen für Immunoblot . . . 28
2.9 Immunoblot-Methoden . . . 28
2.10 ProQ Diamond-Färbung . . . 29
2.11 Lösungen für Trypsin-Verdau . . . 30
2.12 C18-Entsalzung . . . 30
2.13 LC-MS-Methoden . . . 31
2.14 Parameter der Mascot-Suche . . . 32
2.15 Lösungen für die Extraktion von Metaboliten . . . 33

3.1 Unbekannte Phosphopeptide aus allen Fraktionen . . . 43
3.2 Aufschlüsselung positiver Transformanten in den Generationen . . . 51
3.3 Zusammenfassung der Zeitpunkte nach DEX-Besprühung für die Probennahme 51
3.4 Putative MPK3/6-Substrate . . . 65
3.5 Häufigkeit der Phosphorylierung von SP/TP in putativen Substraten . . . 72

B.1 Summe der identifizierten Proteine . . . 135
B.2 Summe der Phosphopeptide . . . 135
B.3 Phosphopeptide im Kontext ihres Proteins . . . 135
B.4 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in Col-0 KR 135
B.5 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in Col-0 DD 135
B.6 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *mpk3* DD 135
B.7 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *mpk6* DD 135
B.8 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *ein2* DD . 135
B.9 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *ein3/eil1* DD . . . 136
B.10 Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *rbohD* DD 136
B.11 Analytische Daten annotierter Metabolite . . . 136
B.12 CID-massenspektrometrische Daten der annotierten Metabolite . . . 140

B.13 Differentiell regulierte Proteine vier Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE 145
B.14 Differentiell regulierte Proteine fünf Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE 145
B.15 Differentiell regulierte Proteine sieben Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE145
B.16 Differentiell regulierte Proteine acht Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE 145
B.17 Differentiell regulierte Proteine vier Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE in *mpk3* DD 145
B.18 Differentiell regulierte Proteine sieben bis acht Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE in *mpk6* DD 145
B.19 Phosphorylierte Peptide aus allen PAPE-Experimenten 145
B.20 SP/TP-phosphorylierte Peptide 145
B.21 Aufschlüsselung der Proteine aus Abb. 4.2 145

Verzeichnis der MS-Log-Dateien

C.1 ***TuneMethod* für Methode 1** 147
C.2 ***InstrumentMethod* für Methode 1** 147
C.3 ***TuneMethod* für Methode 2** 147
C.4 ***InstrumentMethod* für Methode 2** 147
C.5 ***TuneMethod* für Methode 3** 147
C.6 ***InstrumentMethod* für Methode 3** 147
C.7 ***TuneMethod* für Methode 4** 147
C.8 ***InstrumentMethod* für Methode 4** 147

Abkürzungsverzeichnis

In diesem Verzeichnis nicht aufgeführt sind:
- im DUDEN zu findende Abkürzungen,
- der Ein- bzw. Drei-Buchstabencode der Aminosäuren sowie
- der Ein-Buchstabencode der Nukleobasen.

Englische und lateinische Begriffe sind im Text kursiv hervorgehoben.

% (v/v)	*volume per volume*, Volumenprozent
% (w/v)	*weight per volume*, Gewichtsprozent
1D	ein-dimensional
2D	zwei-dimensional
ACN	Acetonitril
ACS	1-Aminocyclopropane-1-Carboxylate Synthase
APS	Ammoniumpersulfat
AS	Ammoniumsulfat
At, *A. thaliana*	*Arabidopsis thaliana*, Ackerschmalwand
ATP	Adenosintriphosphat
BAK1	*BRI1-associated receptor kinase 1*, BRI1-assoziierte Rezeptorkinase
bp	Basenpaare
BRI1	Brassinosteroid insensitiv 1
BSA	*bovine serum albumine*, Rinderserumalbumin
c	Konzentration
CHAPS	3-[(3-Cholamidopropyl)-dimethylammonio]-propansulfonat
CID	*collision-induced dissociation*, Kollisions-induzierte Dissoziation
Col-0	*A. thaliana* Ökotyp Columbia
CYP	Cytochrom P450
DCP1	*Decapping* 1
DD	Konstrukt mit konstitutiv aktiver Variante der MKK5
DEX	Dexamethason
DNA	Desoxy-Ribonukleinsäure
DTT	Dithiothreitol
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
EF-Tu	Elongationsfaktor Tu
EGTA	Ethylenglycol-bis(2-aminoethyl)-tetraacetat
EIN2	Ethylen-insensitiv 2
EIN3/EIL1	Ethylen-insensitiv 3/Ethylen-insensitiv ähnlich 1
ERF	*ethylen response factor*, Ethylen-responsiver Faktor
ESI	Elektrospray-Ionisation
ET	Ethylen
ETI	*effector-triggered immunity*, Effektor-induzierte Immunität
ETS	*effector-triggered susceptibility*, Effektor-induzierte Suszeptibilität
Flg22	Flagellin-Peptid (22 Aminosäuren)
FLS2	Flaggelin-sensitiv 2 (Rezeptorkinase)
FT	Fourier Transformation
FTICR	Fourier Transformation Ionen Cyclotron Resonanz
Fw	*forward*, vorwärts
g	Einheit der Fallbeschleunigung
GSH	Glutathion

GO	*Gene Ontology*, Genontologie
GST	Glutathion-S-Transferase
HR	Hypersensitive Reaktion
IAA	Iodacetamid
IAN	Indol-3-acetonitril
IAOx	Indol-3-acetaldoxim
ID	innerer Durchmesser
IT	Ionenfalle (ion trap)
ITC	Isothiocyanat
JA	Jasmonsäure
KR	Konstrukt mit Kinase-toter Variante der MKK5
LB	Luria-Bertani-Medium
LC	*Liquid chromatography*, Flüssig-Chromatographie
LRR	*Leucine-rich repeat*, Leucin-reiche Sequenzwiederholung
MAPK/ MPK	Mitogen aktivierte Protein-Kinase
MAP2K/ MPKK	Mitogen aktivierte Protein-Kinase Kinase
MAP3K/ MPKKK	Mitogen aktivierte Protein-Kinase Kinase Kinase
MES	2-(N-Morpholino)ethansulfonsäure
MKS1	MAP-Kinase Substrat 1
MKP1	MAP-Kinase Phosphatase 1
MOAC	Metalloxid-Affinitätschromatographie
MS	Massenspektrometrie
MS/MS	Tandem-Massenspektrometrie
MYB	MYB Domäne Protein
m/z	Masse über Ladung
NADPH	Nicotinamidadenindinukleotidphosphat
Nt	*Nicotiana tabacum*
NIA	Nitratreduktase
OD	outer diameter, äußerer Durchmesser
OD_{600}	optische Dichte bei einer Wellenlänge von 600 nm
PAD3	Phytoalexin-defizient 3
PAGE	Polyacrylamid-Gelelektrophorese
PAMP	Pathogen-assoziiertes Molekülmuster
PAPE	*Pre-fractionation assisted phosphoprotein enrichment*, Vorfraktionierungsgestützte Phosphoprotein-Anreicherung
Pc	*Petroselinum crispum*
PCD	*programmed cell death*, programmierter Zelltod
PCR	*polymerase chain reaction*, Polymerase-Kettenreaktion
PCS1	Phytochelatinsynthase 1
PEG	Polyethylenglykol
PEN2/3/4	Penetration 2/3/4
PMSF	Phenylmethylsulfonylfluorid
ppm	parts per million
PR-	*Pathogenesis related*, mit der Pathogenese zusammenhängend
PRR	*pattern recognition receptor*, Muster-erkennender Rezeptor
PSM	peptide spectral match, Peptid-Spektrum-Paar
Pst	*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*
PTI	*PAMP-triggerd immunity*, PAMP-induzierte Immunität
R-	Resistenz-
RBOHD/F	*respiratory burst oxidase homologue* D/F
Rev	*reverse*, rückwärts
RNA	Ribonukleinsäure
ROS	*reactive oxygen species*, reaktive Sauerstoffspezies

RT	Raumtemperatur
RuBisCO	Ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase
SA	Salicylsäure
SDS	Natriumdodecylsulfat
Tab.	Tabelle
TAIR	The Arabidopsis Information Resource
T-DNA	Transfer-DNA
TEMED	N, N, N', N'-Tetramethylethylendiamin
TZF7	Tandem-Zinkfinger-Protein 7
UE	Untereinheit
VIP1	VirE2-interagierendes Protein 1
Vol.	Volumen
VQ4	VQ-Motiv enthaltendes Protein 4
WRKY	WRKY-Domäne-enthaltender Transkriptionsfaktor
z.B.	zum Beispiel

1 Einleitung

Lebewesen, egal welcher Größe und Art, sind kontinuierlich Veränderungen und Stress ihrer umgebenden Umwelt ausgesetzt. Dabei handelt es sich sowohl um abiotische Faktoren wie Licht, Temperatur oder Wasserverfügbarkeit als auch biotische Faktoren wie Pathogene bzw. Konkurrenz innerhalb einer Spezies (Abb. 1.1). Insbesondere Pflanzen als sessil lebende Organismen waren daher gezwungen spezielle Mechanismen zu entwickeln, um sich diesen Herausforderungen zu stellen und ihr Überleben zu sichern. Um dies zu bewältigen, müssen Pflanzen externe Stimuli an ihren Zelloberflächen wahrnehmen und in entsprechende interne Signale prozessieren. Innerhalb der Zelle führen diese zur Modulation des Metabolismus durch

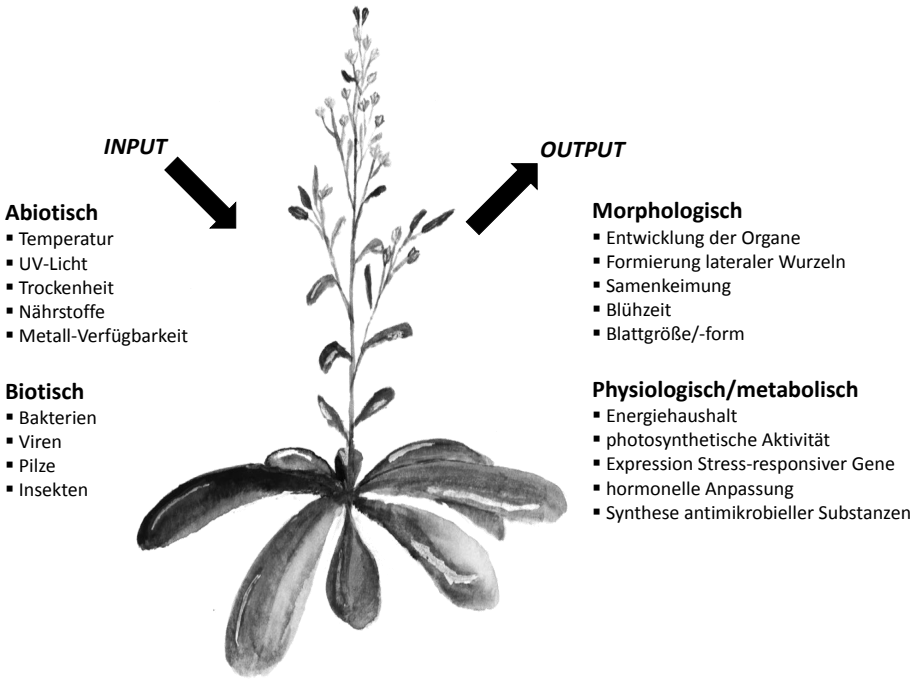


Abbildung 1.1: Stress-Perzeption und -Adaption in *Arabidopsis thaliana*. Die Übersicht verdeutlicht Faktoren, die abtiotischen sowie biotischen Stress darstellen und deren Auswirkungen auf die Pflanze.

differentielle Regulation der Transkription, Ausschüttung von Messenger-Molekülen oder Anpassung der Proteinaktivität. Entsprechend jedem externen Stimulus ist die Pflanze mit diesen Mechanismen in der Lage eine zweckmäßige Reaktion zu „berechnen".
Maßgeblich wird diese Reaktion durch das Zusammenspiel aus Genom, Proteom und Metabolom der Pflanzen ermöglicht. Während der Anpassung des Organismus an die gegebenen Umstände wird die Nutzung des Genoms modifiziert, d.h. die Häufigkeit der Transkription bestimmter Gene wird verändert. Im Zuge dessen wandelt sich ebenfalls die Zusammensetzung des Proteoms. Neben der Neusynthese von Proteinen kommen post-translationale Modifikationen zum Tragen, die wiederum die Genexpression sowie das Proteom manipulieren können. Diese Modifikationen, wie bspw. Phosphorylierungen, sind in der Lage die Aktivität sowie Lo-

kalisation einzelner Komponenten des Proteoms und damit den primären sowie sekundären Metabolismus zu beeinflussen. Letztendlich ist die so adaptierte Pflanze als sessile Lebensform fähig sich den vielfältigsten Herausforderungen zu stellen.
Die vielen Mechanismen der Pflanzen sich mit ihrer Umwelt zu arrangieren, wirft die Frage auf, wie Pflanzen die Änderungen orchestrieren und ob einzelne Komponenten der Mechanismen isoliert werden können, um diesen eine Bedeutung zuzusprechen.

1.1 Phosphoproteomics als Ergänzung zum klassisch molekularbiologischen Ansatz

1.1.1 Bedeutung der Phosphoproteomic für Pflanzen

Seit der Fertigstellung der Genomsequenzierung (TheArabidopsisGenomeInitiative, 2000) hat sich *Arabidopsis thaliana* zu einem der am besten untersuchten Modellorganismen für pflanzliche Molekularbiologie und Biochemie entwickelt (TAIR, 2013a). *Arabidopsis thaliana* wurde und wird umfassend in allen sogenannten „OMICS"- Analysen untersucht. Zu diesen zählen GenOMICS (Snoek *et al.*, 2013; Richards *et al.*, 2012), TranskriptOMICS (Poeschl *et al.*, 2013) ProteOMICS (Joshi *et al.*, 2011; Heazlewood, 2011; Petricka *et al.*, 2012) und MetabolOMICS (Sakurai *et al.*, 2013), wobei ein Großteil des Wissens über diese Modellpflanze aus dem Bereich GenOMICS und klassischen, molekularbiologischen Ansätzen stammt. Seit wenigen Jahren wird mit fortlaufendem, technischen Fortschritt ebenfalls den beiden anderen „OMICS"-Disziplinen mehr Aufmerksamkeit geschenkt. Insbesondere das Feld der ProteOMICS rückte in den Fokus des Interesses der Pflanzenforscher und hiermit auch das Teilgebiet der PhosphoproteOMICS (Nakagami *et al.*, 2012). Die enorme Bedeutung der Proteinphosphorylierung für die Biochemie aller Organismen spiegelt sich in der Regulation zellulärer Prozesse wider: Zelldifferenzierung, Entwicklung, Zellzyklus-Kontrolle, Metabolismus und Signaltransduktion (Manning *et al.*, 2002; Wang *et al.*, 2003). Vermutlich ca. 30% aller Proteine zu einem bestimmten Zeitpunkt oder Zustand sind phosphoryliert (de la Fuente vanBentem *et al.*, 2006). Dies verdeutlicht die immense Dimension des Phosphoproteoms. Neben seiner diversen Aufgaben in der Regulation der Proteinsynthese, Genexpression und Apoptose spielen Phosphorylierungsereignisse eine tragende Rolle in der Pathogenabwehr (Hunter, 2000). Während dieser kann das Stresssignal durch Phosphorylierungskaskaden. z.B. der Kaskade Mitogen-aktivierter Proteinkinasen (MAPK, *mitogen-activated protein kinase*) vermittelt werden (Herskowitz, 1995). Viele Phosphorylierungsprozesse und korrespondierende Zielproteine der MAPKs sind unverstanden bzw. zu einem Großteil noch nicht bekannt. Für ein besseres Verständnis der Abwehrmechanismen von Pflanzen sind weitere Erkenntnisse über Signalkaskaden notwendig. Allerdings ist dafür eine gut entwickelte Strategie für Phosphoprotein/-peptid-Anreicherung unabdingbar.

1.1.2 Methoden und Herausforderungen in der Pflanzen-Phosphoproteomic

Viele Studien, vor allem zu Beginn der Pflanzen-Phosphoproteomic, beschäftigten sich auf Grund der einfachen Handhabung hauptsächlich mit Zellkulturen (Jones *et al.*, 2009; Ito *et al.*, 2009). Im Gegensatz dazu stellte sich die Nutzung von Blattmaterial als ungleich größere Herausforderung dar. Nicht nur die Präsenz des Proteins RuBisCO (Ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase) auch die niedrige Abundanz phosphorylierter Signalproteine schränkt die Visualisierung und Detektion auf PAGE-Gelen (*polyacrylamid gel electrophoresis*) ein (Cellar *et al.*, 2008). Selbst hoch entwickelte Massenspektrometer für sogenannte *Shotgun*-Analysen sind oft nicht in der Lage eine große Anzahl von Phosphopeptiden aus komplexen Proben abzudecken.

Anreicherung von Phosphopeptiden

Um diese Herausforderungen zu meistern, werden häufig Methoden beschrieben, die Phosphopeptide vor der Analyse anreichern. Für die Bindung von Phosphopeptiden stehen einige, populäre Ansätze zur Verfügung; chelatierte Metallionen (IMAC, *immobilized metal-chelate affinity chromatography*; Neville *et al.*, 1997), Metalloxide (MOAC, *metal-oxide affinity chromatography*; Coletti-Previero und Previero, 1989; Wolschin *et al.*, 2005) Trennung auf Basis von Ladungsunterschieden (Zhu *et al.*, 2005) oder Immunoaffinitätstechniken (Lim *et al.*, 2003). Andere Methoden beschreiben *Multi-step*-Ansätze, bei denen zunächst eine erste Anreicherung von Phosphoproteinen erfolgt (Hoehenwarter *et al.*, 2013). Diese wiederum unterstützt die Effizienz der nachgeschalteten Phosphopeptid-Anreicherung. Nichtsdestotrotz leiden Phosphopeptid-Anreicherungen auch unter einigen Nachteilen. Phosphopeptide können verloren gehen und sämtliche Informationen die nicht-phosphorylierten Peptide betreffend sind ebenfalls verloren. Dies kann die Identifizierung von Proteinen in der Massenspektroemtrie (MS, *mass spectrometry*) behindern z.B. im Fall von sehr ähnlichen Proteinen einer Multigen-Familie (Fíla und Honys, 2012).

Reduktion/Entfernung hoch-abundanter Proteine

Andere Ansätze versuchen hoch-abundante Proteine zu entfernen, die mit der genutzten Phosphoanreicherungsmatrix interferieren. In Pflanzen bedeutet dies die Reduktion oder Entfernung von RuBisCO vor der Phosphoprotein-Anreicherung (Xi *et al.*, 2006). Neben der kommerziell erhältlichen Immunopräzipitationstechnik (Cellar *et al.*, 2008) ist ein beliebter Weg Proteine zu fraktionieren das „Aussalzen“mittels Chemikalien. Studien konnten hierbei die Vorteile von Polyethylenglykol (PEG) zeigen (Widjaja *et al.*, 2009; Aryal *et al.*, 2012). Allerdings kann in der Probe verbliebenes PEG während der MS-Analyse störend wirken (Hodge *et al.*, 2013). Eine

andere Chemikalie, Ammoniumsulfat (AS), zeigte einen ähnlichen Effekt. In Studien konnte nachgewiesen werden, dass eine Reduktion des RuBisCO-Gehalts durch AS-Präzipitation einen positiven Effekt auf die Präparation von 2D-Gelen und die Anreicherung von Phosphoproteinen mittels MOAC hat (Lassowskat, 2008). Ein positiver Einfluss auf die Analyse mittels Massenspektrometrie wird angenommen.

Entwicklung hoch-auflösender Massenspektrometer

Es existieren eine Vielzahl an verschiedenen Massenanalysatoren im Proteomics-Bereich, jeder mit seinen Vor- und Nachteilen sowie Limitierung bezogen auf die Auflösung, Sensitivität, Genauigkeit bzw. Geschwindigkeit (Thelen und Miernyk, 2012). Die Grundtypen der Massenanalysatoren sind der Quadrupol (Q), *Time-of-flight*-Analysator (TOF), *Ion trap* (IT), *Fourier transform ion cyclotron resonance* (FT-ICR) und die Orbitrap (Oudenhove und Devreese, 2013). Die Verwendung erfolgt entweder mit einem einzelnen Analysator oder als Kombination aus den genannten. So können die Vorteile gemeinsam genutzt werden. Der Quadrupol in einem Hybridsystem wird meistens verwendet, um die durch das Elektrospray entstandenen Ionen zu fokussieren und in den Analysator zu führen. Die Ionenfalle ist in der Lage mehrere Fragmentationszyklen nacheinander zu prozessieren. Bedeutend wird dieser Fakt bei der Detektion von Phosphopeptiden. Der Neutralverlsut der Phosphat-Gruppe kann eine weitere Fragmentation auslösen (MS^3). Sowohl die Information über die Peptidsequenz als auch die nachfolgende Identifikation der phosphorylierten Peptide wird so verbessert. Die neueren linearen Ionenfallen (LIT) erreichen gegenüber den alten drei-dimensionalen ITs außerdem schnellere Scanraten, erhöhte Sensitivität und eine bessere *Trapping*-Effizienz und -Kapazität (Mayya *et al.*, 2005). Dieses System ist sehr einfach koppelbar mit einem FT Massenspektrometer, wobei hier die Nutzung einer Orbitrap (Abb. 1.2) vorherrschend ist. Ihre hohe Massenauflösung und Genauigkeit bewegt sich in einem dynamischen Bereich größer 10^3.

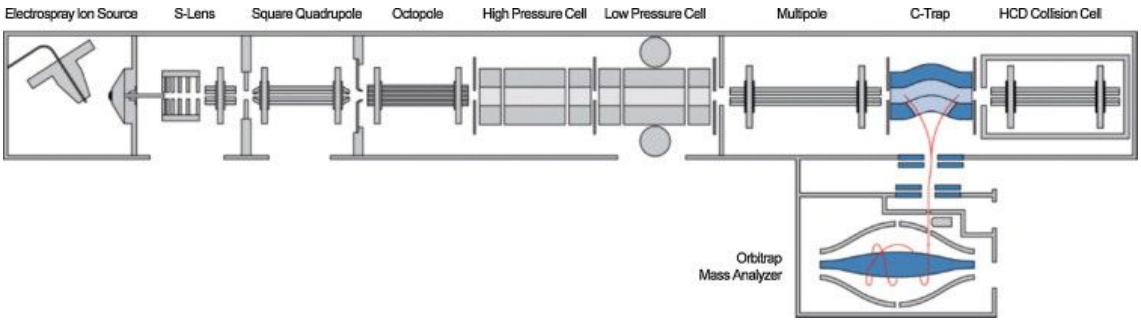


Abbildung 1.2: Schematischer Aufbau der LTQ Orbitrap Velos Pro (Thermo). S-Lens und Pole sorgen für eine Fokussierung der in der *Electrospray Ion Source* erzeugten Ionen und leiten diese bis zur Ionenfalle bzw. der Orbitrap. Bei einer klassischen Messung werden die *Precursor*-Ionen in der Orbitrap analysiert (MS). Ausgewählte Ionen werden fragmentiert und in der linearen Ionenfalle (*Low Pressure Cell*) ausgewertet (MS/MS). Dabei wird die hohe Auflösung der Orbitrap und die Schnelligkeit der Ionenfalle genutzt.

1.2 Angeborene Immunität in *Arabidopsis thaliana*

Pflanzen besitzen diverse, effiziente Möglichkeiten ihr Überleben zu sichern. Physikalische und chemische Barrieren wie die Zellwand oder antimikrobielle Substanzen behindern das Eindringen von Pathogenen (Hückelhoven, 2007). Im Kontrast zu tierischen Organismen besitzen pflanzliche Zellen kein klassisches Immunsystem. Pflanzen besitzen eine induzierbare Abwehrreaktion, die Pathogene sofort erkennen muss, um schnell adäquate Abwehrmechanismen in Gang zu setzen. Nur so kann die Pflanze die Proliferation von Pathogenen eindämmen. Im Gegenzug entwickeln Pathogene neue Strategien, um die pflanzliche Stressantwort zu umgehen bzw. zu unterdrücken. Diese können wiederum durch neue Erkennungsmechanismen auf pflanzlicher Seite abgewehrt werden.

1.2.1 PAMPs - der erste Schritt der induzierbaren Abwehrreaktion

Sobald Mikroben das Pflanzeninnere erreichen und die Zellwand als erste Barriere überwunden haben, stehen diese der Zellmembran gegenüber (Chisholm *et al.*, 2006). Diese besitzt Oberflächen-exponierte Rezeptoren, die Pathogen-assozierte molekulare Muster - sogenannte PAMPs - erkennen können (*pathogen-associated molecular pattern*). Die Rezeptoren werden dabei als Muster-erkennende Rezeptoren - kurz PRRs (*pattern recognition receptor*) - bezeichnet. Eine erfolgreiche Perzeption des PAMPs am Rezeptor leitet die PAMP-induzierte Immunität ein (PTI, *PAMP-triggered immunity*) und stoppt meistens die Mikrobe bevor diese in der Wirtszelle Fuß fassen kann (Boller und Felix, 2009; Chisholm *et al.*, 2006; Jones und Dangl, 2006). Mikroben sind in der Lage der Erkennung durch Rezeptoren zu entgehen, in dem deren PAMPs variiert werden. Allerdings sind die erkannten Strukturen hoch-konserviert (Kunze *et al.*, 2004; Felix *et al.*, 1999) und können zwar bei entsprechenden Mutationen vom Rezeptor unerkannt bleiben, allerdings auch zur Funktionslosigkeit führen. Am Beispiel Flagellin konnte gezeigt werden, dass Mutationen die Erkennung durch den Rezeptor FLS2 (*flagellin sensitive 2*) verhindern und die Mikrobe bewegungsunfähig und weniger virulent wurde (Naito *et al.*, 2008).
Da Mikroben durchaus in der Lage sind Pflanzen zu infizieren, stellt sich die Frage wie dies ermöglicht wird. Durch die Entwicklung des PAMP-gesteuerten Immunsystems der Pflanzen wurden Mikroben gezwungen diesen Resistenztyp zu unterwandern. Während der Pathogenese können Mikroben durch Einbringen von Effektoren in die Wirtszelle aktiv die PAMP-induzierte Abwehr umgehen. Am besten sind hierbei die gram-negativen Bakterien untersucht, die über das Typ-3-Sekretionssystem (TTSS, *type 3 secretion system*) die eigenen Effektorproteine in die Wirtszelle übertragen. Die unterdrückte PAMP-Immunantwort wird als Effektor-induzierte Suszeptibilität bezeichnet (ETS, *effector-triggered susceptibility*). Dabei spielen eine große Anzahl an Effektorproteinen gleichzeitig eine Rolle. *Pseudomonas syringae* kann schätzungsweise

20-30 dieser Proteine sekretieren (Chisholm *et al.*, 2006). Pflanzen ihrerseits evolvierten Proteine, sogenannte R-Proteine, die einen Effektor spezifisch erkennen. Die paarweise Erkennung eines Effektors mittels R-Protein wird genetisch als *gene-for-gene*-Resistenz charakterisiert (Flor, 1942). Eine positive Erkennung eines Effektors, indirekt oder direkt, führt zur Auslösung

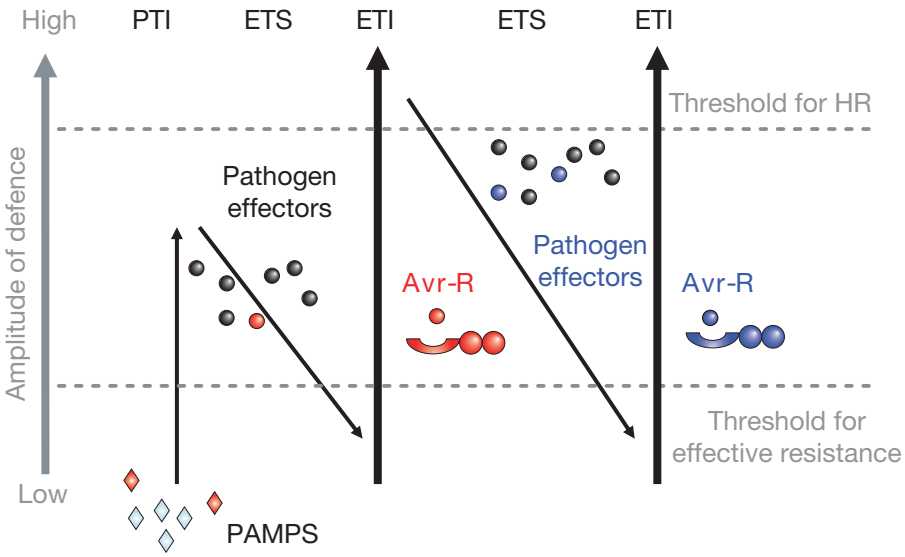


Abbildung 1.3: Zig-Zag Modell der Pflanzenimmunität (Jones und Dangl, 2006). Das Diagramm zeigt die Wege der Pathogenerkennung durch PTI (PAMP-Erkennung) und ETI (Effektorerkennung). Die Pathogen-induzierte Immunität stellt dabei die erste Phase der Abwehrreaktion dar. Oberflächen-exponierte Rezeptoren der Pflanze erkennen hoch-konservierte Strukturen von Pathogenen. Durch Übertragen von Effektoren können Pflanzen suszeptibel werden (ETS). Die Erkennung der Effektoren erfolgt durch R-Proteine (ETI). Natürliche Selektion fördert die Evolution der Effektoren und R-Proteine beider Seiten und kann als evolutionäres *arms-race* bezeichnet werden.

der Abwehrreaktion, die als Effektor-induzierte Abwehr bezeichnet wird (ETI, *effector-triggered immunity*) und meist in einer hypersensitiven Reaktion (HR) resultiert. Die HR ist eine Form des programmierten Zelltodes (PCD, *programmed cell death*), die dem Pathogen die Lebensgrundlage entziehen kann und somit dessen Vermehrung unterbindet. Im Gegensatz zur PTI, die eine breite Wirtsspezifität aufweist, handelt es sich bei der ETI um eine Rassen-spezifische Immunantwort (Boller und Felix, 2009). Außerdem kann die ETI als beschleunigte und amplifizierte PTI definiert werden, die ähnliche Abwehrreaktionen über einen längeren Zeitraum auslöst (Tsuda und Katagiri, 2010).

In einer weiteren Phase befähigt natürliche Selektion Pathogene zur Bildung von leicht abgewandelten Effektoren bzw. zusätzlichen Effektoren, die die ETI umgehen können. Die wiederhergestellte ETS kann wiederum durch natürliche Selektion neuer R-Spezifitäten der Pflanzen zu einer ETI übergehen. Die beschriebenen Abwehrmechanismen von der Erkennung der PAMPs an der Membranoberfläche mit resultierender Pathogen-induzierter Immunität über Effektor-induzierte Suszeptibilität und Immunität findet im Zig-Zag-Modell Anwendung (Abb. 1.3; Jones und Dangl, 2006). Allerdings zeigte die Charakterisierung von PAMP/PRR- und

Effektor/R-Protein-Paaren, dass eine Klassifikation in PTI sowie ETI und in PAMPs sowie Effektoren nicht so simpel ist. Bspw. tragen PAMPs ähnlich Effektoren zur Virulenz bei (Taguchi *et al.*, 2010), Effektoren liegen konserviert vor (LysM, de Jonge *et al.*, 2010) und einige PAMPs besitzen nur ein enges Wirtsspektrum wie die Erkennung von EF-Tu in *Brassicaceae* und *Solanaceae*-Arten oder Pep-13 aus *Phytophthora* Spezies. Dies beschreibt eine Effektoren-Charakteristik (Thomma *et al.*, 2011).

PAMPs - *„Pathogen-associated molecular patterns“*

Im vorhergehenden Kapitel wurden bereits einige Ausnahmen zur Charakterisierung von PAMPs angerissen. Generell lassen sich allen PAMPs gewisse Eigenschaften zuschreiben. Die molekularen Strukturen sind 1) charakteristisch für bestimmte Klassen an Pathogenen, 2) unverzichtbar für das Überleben von Pathogenen, 3) evolutionär hoch-konseviert und 4) abwesend in der Wirtspflanze (Medzhitov und Jr, 1997). Die Erkennung der Strukturen, die als evolutionär älter gelten z. B. Chitin aus der pilzlichen Zellwand und Flagellin aus der bakteriellen Flagelle, ist weit verbreitet in der Pflanzenwelt. Hoch-konservierte Strukturen von Flagellin werden auch von tierischen Zellen erkannt, wenngleich ein unterschiedlicher Teil des Flagellins (Smith *et al.*, 2003; Gómez-Gómez und Boller, 2002). Dies deutet daraufhin, dass Pflanzen und Tiere ihre Flagellin-Erkennung unabhängig voneinander entwickelten. Genauer gesagt, basiert die Ähnlichkeit des pflanzlichen und tierischen Immunsystems wahrscheinlich auf konvergenter Evolution (Ausubel, 2005). Bei anderen Strukturen wie bspw. des Elongationsfaktor EF-Tu (Kunze *et al.*, 2004), das am höchsten abundante Protein in Bakterienzellen, handelt es sich um evolutionär jüngere PAMPs, die limitiert nur durch einige Pflanzenspezies erkannt werden (Zipfel *et al.*, 2006).

Perzeption von PAMPs

Pathogen-assoziierte molekulare Muster werden an der Oberfläche einer Pflanzenzelle wahrgenommen. Dafür stehen Membran-gebundene Rezeptoren zur Verfügung, die für unterschiedliche Mikrobenstrukturen spezifisch sind. Am besten untersucht ist die Perzeption des PAMPs flg22. Bei diesem 22 Aminosäuren langen Peptid handelt es sich um einen hoch-konservierten Teil des N-Terminus im Protein Flagellin, welches in der bakteriellen Flagelle zu finden ist (Felix *et al.*, 1999). Die Perzeption des Epitops flg22 fördert nicht nur die identischen Reaktionen wie nach Pathogenbefall, auch eine Inhibierung des Wachstums lässt sich beobachten (Gómez-Gómez *et al.*, 1999). Flg22 wird durch die Rezeptor-ähnliche Kinase (RLK, *receptor-like kinase*) FLS2 erkannt (Flagellin-sensitive 2, Chinchilla *et al.*, 2006; Tab. 1.1, adaptiert nach Schwessinger und Ronald, 2012). Rezeptor-Aktivität wird durch das *address-message concept* erreicht, bei der im ersten Schritt eine Struktur an den Rezeptor (N-Terminus, Adresse) bin-

det und in einem zweiten Schritt eine Antwort vermittelt wird (C-Terminus, *message*; Meindl *et al.*, 2000). FLS2 setzt sich aus einer glycolysierten, extrazellulären Domäne, bestehend aus 28 Leucin-reichen Wiederholungen (LRR, *leucine-rich repeat*), einer Transmembran-Domäne und einer intrazellulären Serin-/Threonin-Kinase-Domäne zusammen (Gómez-Gómez und Boller, 2000; Shiu und Bleecker, 2001). Studien haben gezeigt, dass Mutationen in FLS2 keine Reaktion auf Flagellin zeigen, indem die Bindung von flg22 kompromitiert ist und somit eine erhöhte Suszeptibilität gegenüber Infektion durch Pathogene besteht (Zipfel *et al.*, 2004).
FLS2 agiert zudem nicht allein. Studien konnten zeigen, dass ein weiteres Protein, BAK1 (BRI1-ASSOCIATED RECEPTOR KINASE 1), welches BRI1 (BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1) reguliert (Li *et al.*, 2002), in die Perzeption involviert ist. Zellen mit Mutationen in BAK1 sind in der Lage weiterhin Flagellin zu binden, allerdings sind die frühen und späten Flagellin-ausgelösten Antworten verändert. Dies deutet daraufhin, dass es sich bei BAK1 um einen positiven Regulator handelt (Chinchilla *et al.*, 2007), der mit FLS2 einen Komplex eingeht und für eine vollständige Antwort benötigt wird (Heese *et al.*, 2007). FLS2 und

Tabelle 1.1: Bekannte und vorhergesagte, pflanzliche Rezeptoren zur Erkennung konservierter Mikrobenstrukturen in *Arabidopsis thaliana*. Tabelle wurde adaptiert nach Schwessinger und Ronald, 2012.

Name	Status	Ligand/Epitop	Referenzen
FLS2	bestätigter Rezeptor	Flagellin/flg22	Chinchilla *et al.*, 2006
BAK1	möglicher Co-Rezeptor	FLS2/flg22	Sun *et al.*, 2013b
EFR	bestätigter Rezeptor	EF-Tu/elf18	Zipfel *et al.*, 2004
WAK1	bestätigter Rezeptor	Lytische Fragmente der pflanzl. Zellwand	Brutus *et al.*, 2010
CERK1	bestätigter Rezeptor	Chitin	Miya *et al.*, 2007; Narusaka *et al.*, 2013
LYM1/LYM3	bestätigtes Rezeptor-ähnliches Protein	Zellwandkomponenten	Willmann *et al.*, 2011
SNC4	vorhergesagter Rezeptor	unbekannt	Bi *et al.*, 2010
SNC2	vorhergesagtes Rezeptor-ähnliches Protein	unbekannt	Zipfel *et al.*, 2006
RLP30	vorhergesagtes Rezeptor-ähnliches Protein	unbekannt	Wang *et al.*, 1998
RLP52	vorhergesagtes Rezeptor-ähnliches Protein	unbekannt	Ranf *et al.*, 2011

BAK1 befinden sich in näherer Umgebung in der Membran und formen wahrscheinlich einen losen, „vorgeformten“Komplex. Das erste Signalereignis nach Flagellin-Perzeption an FLS2 ist vermutlich die Rekrutierung des BAK1 in einen Flagellin-Rezeptor-Komplex mit einhergehender konformationeller Änderung (Chinchilla *et al.*, 2009). Diese Liganden-induzierte Interaktion scheint notwendig zu sein für die Trans-Phosphorylierung beider Proteine und somit

der Rezeptorkomplex-Aktivierung. Die Komplexbildung und Phosphorylierung von FLS2 und BAK1 erfolgt simultan, die Phosphorylierung ist aber nicht erforderlich für die Komplexierung (Schulze *et al.*, 2010). Die Phosphorylierung spezifischer Stellen in FLS2 und/oder BAK1 führt zur Rekrutierung von weiteren Signalkomponenten, die die Spezifität der Antwort bestimmen (Schwessinger *et al.*, 2011). Kürzlich konnte gezeigt werden, dass BAK1 durch Bindung an FLS2 den C-Terminus von flg22 binden kann. Damit könnte BAK1 als möglicher Co-Rezeptor betrachtet werden (Sun *et al.*, 2013b).

Weiterleitung des Signals innerhalb der Zelle

Erste Effekte nach Erkennung von PAMPs sind Ionenfluxe, die sich über die Plasmamembran bewegen. Dabei erfolgt die Depolarisation der Plasmamembran innerhalb weniger Minuten durch Influx von H^+ und Ca^{2+} sowie dem Efflux von K^+, Nitrat und Cl^- (Jeworutzki *et al.*, 2010; Tavernier *et al.*, 1995; Pugin *et al.*, 1997). Ca^{2+} ist dabei ein wichtiges Element in der Elizitoren-vermittelten Signaltransduktion sowie es in vielen anderen Signalprozessen der Fall ist (Jabs *et al.*, 1997; Blume *et al.*, 2000). Die Änderung der Ca^{2+}-Konzentration ist die Voraussetzung für weitere Signalkomponenten (Navazio *et al.*, 2002).
Flg22 bspw. aktiviert über Signalkaskaden MPK3/6 für circa eine Stunde und weitere sekundäre Abwehrgene für 3-12 Stunden (Tena *et al.*, 2011). Wahrscheinlich muss die Aktivierung der MAPKs einen bestimmten Schwellenwert überschreiten und eine definierte Zeit anhalten, um in Kombination mit Ca^{2+}-Signalen die sekundäre und späte Antwort zu formen (Boudsocq *et al.*, 2010). MAPK-Kaskaden werden im folgenden Kapitel eingehender beschrieben.
Ca^{2+} leitet den Anstieg der H_2O_2-Konzentration ein. Biotischem oder abiotischem Stress ausgesetzt erfolgt in Pflanzen ein schneller Anstieg von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS, *reactive oxygen species*), der als *oxidative burst* bezeichnet wird. Superoxiddismutasen wandeln schnell Superoxid (O^{2-}), welches durch NADPH-Oxidasen bereit gestellt wird, in H_2O_2 um. Dieses kann direkt einen toxischen Effekt ausüben oder Signalfunktionen beeinflussen (Allan und Fluhr, 1997; Torres *et al.*, 2006). Zu den wichtigsten NADPH-Oxidasen in *A. thaliana* sind RBOHD und RBOHF (Torres *et al.*, 2002) zu zählen.
Die Genexpression wird sehr schnell (30 Min) nach PAMP-Perzeption moduliert. Circa eine Stunde nach flg22-Inokulation erfolgen transkriptionelle Veränderungen, die eine Aktivierung der Salicylsäure-, Jasmonsäure- und Ethylen-Signalwege andeuten (SA, *salicylic acid*; JA, *jasmonic acid*). Biosynthesewege für indolische, antimikrobielle Substanzen sind ebenfalls betroffen. Diese frühen Veränderungen lassen sich unterscheiden zu späteren, bei denen bspw. Seneszenz-Gene eine Rolle spielen (Ramonell *et al.*, 2002; Navarro *et al.*, 2004; Denoux *et al.*, 2008).
Stomata sind in allen vaskulären Pflanzen zu finden. Im geöffneten Zustand stellen diese ein großes Risiko für eine Invasion von Pathogenen dar. Deshalb schließen Pflanzen PAMP-induziert

ihre Stomata. Erfolgreiche Pathogene müssen andere Strategien entwickeln, um die Pflanze zu invasieren. Dazu zählen zum Beispiel die Entwicklung von Virulenzfaktoren zum Übergehen der Stomataabwehr oder begünstigte Umweltbedingungen wie starker Regen, der die PAMP-Antwort unter Umständen beeinflusst (Melotto *et al.*, 2006). *fls2* Mutantenpflanzen sind bspw. nicht in der Lage als Anwort auf *Pst* DC3000 durch Schließen der Stomata zu reagieren (Zeng und He, 2010).

Pflanzen können sich durch den Aufbau chemischer und physikalischer Barrieren gegen Pathogene schützen. Callose-enthaltende Zellwandabschnitte sind bspw. effektive Barrieren. Diese werden im Allgemeinen an der Kontaktstelle und recht früh in der Abwehr gebildet. Callose ist ein hoch-molekulares β-(1,3)-Glucan-Polymer. In dessen Matrix können auch antimikrobielle Substanzen eingelagert werden (Luna *et al.*, 2010). Normalerweise wird die Callose-Ablagerung durch PAMPs ausgelöst (Gómez-Gómez *et al.*, 1999), wobei unterschiedliche Signalwege in Abhängigkeit des PAMPs angesprochen werden. Außerdem beeinflussen abiotische Umweltfaktoren die Fähigkeit zur Callose-Ablagerung (Luna *et al.*, 2010). Es besteht eine Abhängigkeit von Ca^{2+}, in dessen Abwesenheit keine Callose-Ablagerungen gebildet werden (Köhle *et al.*, 1985).

Bei der Modulation bzw. Weiterleitung der Signale in der pflanzlichen Zelle sind diverse Hormone von zentraler Bedeutung. SA konnte als wichtige Signalkomponente sowohl der PTI als auch der ETI zugeordnet werden (Vlot *et al.*, 2009). In resistenten Tabak-Pflanzen konnten 20fach erhöhte SA-Werte in inokulierten Blättern nachgewiesen werden verbunden mit einer Erhöhung der *PR*-Genexpression (*PATHOGENESIS-RELATED*, Malamy *et al.*, 1990). *Arabidopsis*-Pflanzen mit dem bakteriellen *nah*G-Gen (SA-abbauende Salicylsäure-Hydroxylase) konnten keine hohen SA-Level akkumulieren verbunden mit fehlender *PR*-Genexpression (Delaney *et al.*, 1994). SA ist in die systemisch erworbene Resistenz involviert (SAR, *systemic aquired resistance*) und interagiert mit anderen Signalmolekülen wie ROS, Stickstoffmonoxid (NO, *nitric oxide*), JA, ET (Ethylen) oder Auxin (Mishina und Zeier, 2007; Vlot *et al.*, 2009).

Das Phytohormon Ethylen ein Hauptregulator für Entwicklung und Seneszenz steht im Zusammenhang mit Pathogenbefall und nimmt hier eine ambivalente Rolle ein. Einerseits verlieren Ethylen-insensitive Mutanten ihre Resistenz gegen eigentlich nicht-pathogene *Phytium*-Arten, andererseits verstärken erhöhte Ethylengehalte die Ausprägung der Symptome in suszeptiblen Pflanzen (Knoester *et al.*, 2001).

JA initiiert die Aktivierung von JA-Biosynthesegenen wie *LOX2* (*LIPOXYGENASE 2*) oder *AOS* (*ALLENE OXIDE SYNTHASE*) sowie weiteren Genen (Sasaki *et al.*, 2001; Penninckx *et al.*, 1998). MAPK-Kaskaden haben dabei eine wichtige Aufgabe in der Aktivierung JA-abhängiger Gene. Außerdem erfolgt die Weiterleitung des JA-Signals über *COI1* (*CORONATINE INSENSITIVE 1*). Dies kodiert für ein F-Box-Protein, das für den Proteasom-abhängigen Abbau sogenannter JAZ-Repressoren (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN) verantwortlich ist und die Transkription JA-responsiver Gene ermöglicht (Chico *et al.*, 2008).

1.2.2 MAPK-Kaskaden als zentraler Bestandteil der Signalverarbeitung

Die Weiterleitung der an der Membran durch Rezeptoren wie FLS2 wahrgenommenen Signale über Netzwerke erfolgt effektiv und vor allem schnell. Eine zentrale Komponente der Signalverarbeitung findet sich in MAPK-Kaskaden. Die Signalübertragung läuft dabei über sequentielle Phosphorylierung. Der Aufbau einer solchen Signalkaskade ist evolutionär konserviert (Widmann *et al.*, 1999; Chang und Karin, 2001). Diese bestehen minimal aus drei nacheinander geschalteten Kinasen: MAP-Kinase-Kinase-Kinase (MAP3K, MEKK), MAP-Kinase-Kinase (MAP2K, MKK), MAP-Kinase (MAPK, MPK) und sind über verschiedenste Wege mit Rezeptoren und Substraten verbunden (Jonak *et al.*, 2002). In *Arabidopsis* existiert eine bestimmte Anzahl der Kinasen: ca. 60 MAP3K, 10 MAP2K und 20 MAPK. Der externe Stimulus durch Phosphorylierung findet an verschiedenen Motiven dieser Kinasen statt. MAP3Ks werden an Serin-/Threonin-Motiven phosphoryliert, MAP2K dagegen an sehr spezifischen Motiven S/T-$X_{3\text{-}5}$-S/T und ebenfalls MAPK an T-X-Y. Hier existieren zwei Subtypen, T-E-Y und T-D-Y, wobei erstere eine zusätzliche CD-Domäne (*common docking*) aufweist, die eine mögliche Bindungsdomäne für MAP2K und Phosphatasen ist (Ichimura *et al.*, 2002). Bei MAPKs handelt es sich um Prolin-gerichtete Serin/Threonin-Kinasen, die an SP oder TP phosphorylieren (Bardwell, 2006). Diese Phosphorylierungsereignisse verbinden den am Rezeptor erfolgten Stimulus mit der Rekrutierung eines entsprechenden Zielproteins. Je nach Aktivierungszustand liegen MAPKs im Zellkern oder Zytoplasma vor und regulieren Transkriptionsfaktoren oder Enzyme durch Phosphorylierung (Tena *et al.*, 2001; Lee *et al.*, 2004).
Circa 80% aller Proteine besitzen SP/TP-Motive, aber nicht alle können Substrate von MAPKs sein (Bardwell, 2006). Dies und die Menge an verschiedenen Kinasen in diesen Signalwegen, ihre Aktivierung durch biotische als auch abiotische Stressfaktoren sowie der Einfluss auf Stressantworten und Entwicklung der Pflanze deutet daraufhin, dass Mechanismen existieren, die MAPK-Signalwegen in diesem Netzwerk Spezifität und Effizienz geben (Yoshioka, 2004; Reményi *et al.*, 2005). Zum einen interagieren MAPKs neben der Kinase-Domäne über eine Docking-Domäne mit ihren Substraten. Es handelt sich dabei um kurze Peptidsequenzen in einer Furche der MAPK-Oberfläche. Dabei spielen elektrostatische und hydrophobe Wechselwirkungen eine Rolle (Ichimura *et al.*, 2002; Reményi *et al.*, 2006). Die Diversität der Docking-Domänen ist jedoch nicht ausreichend, um als einziger Mechanismus zur Spezifität beizutragen. Signalkomponenten, die in verschiedenen Kaskaden wichtig sind, können bspw. physisch voneinander abgegrenzt vorliegen entweder in unterschiedlichen Zelltypen oder durch subzelluläre Kompartimentierung. Außerdem spielen Phosphatasen eine zentrale Rolle bei der Regulierung von MAPK-Phosphorylierungen (Schweighofer *et al.*, 2007). Dephosphorylierung schafft eine zeitlich begrenzte Kinase-Aktivität. MKP2 (*MAPK phosphatase 2*) bspw. reguliert die zelluläre Homöostase in Ozon-gestressten Geweben. Supression des Proteins führt zu einem Ozon-sensitiven Phänotyp, vermutlich ausgelöst durch Dephosphorylierung von MPK3 und 6 am konservierten pTEpY-Motiv, was *in vitro* nachgewiesen wurde (Lee und Ellis, 2007).

Die Mehrheit des Wissens über die Funktion von MAPKs entstammt der Forschung an MPK3/4/6 (Colcombet und Hirt, 2008; Tena *et al.*, 2011; Abb. 1.4). Flg22, das Epitop von Flagellin, aktiviert nach Erkennung durch den Rezeptor bspw. MEKK1/MAP3Ks und damit MKK4/5/9, MPK3/6 bzw. MKK1/2, MPK4/11 (Asai *et al.*, 2002; Tena *et al.*, 2011). Eine Studie (Bethke *et al.*, 2011) konnte zeigen, dass MPK11 ebenfalls eine wichtige Rolle spielt. MPK11 wird durch flg22 induziert. Erst in der *mpk4*-Mutante wird sichtbar, dass an gleicher Stelle im TEY-Western eine aktivierte Kinase erscheint. In der Doppelmutante *mpk4 mpk11* ist diese vollständig verschwunden. Trotz der hohen Sequenzhomologie haben MPK4 und MPK11 neben redundanten Funktionen auch distinkte. Dabei wirkt MPK11 sowohl in Wachstum und Entwicklung als auch bei der Stressantwort. Bisher sind nur wenige Substrate der MAPKs bekannt (Abb. 1.4).

Bekannte MAPK-Substrate

Die Menge an Ethylen stellt einen wichtigen Faktor bei der Immunantwort dar. Ein limitierender Schritt bei der Ethylensynthese erfolgt durch ACS (1-Aminocyclopropane-1-Carboxylate (ACC) Synthase). Ethylen steigt MPK6-abhängig nach flg22-Inokulation an. MPK3 spielt bei der Ethyleninduktion einer untergeordnete Rolle. Für **ACS6** und 2, zwei Typ-1 ACS Isoformen, konnte gezeigt werden, dass diese Proteine die ersten bekannten Substrate von MPK6 sind. In Abwesenheit von MAPK-Aktivierung wird neu-synthetisiertes ACS schnell degradiert (Liu und Zhang, 2004). Unphosphoryliertes Protein wird durch die 26S-Proteasom-Maschinerie abgebaut. Die Phosphorylierung von Serin-Resten im C-Terminus erhöht die Proteinstabilität, vermutlich um das 18fache. Die Degradation wird nicht vollständig verhindert, aber die Phosphorylierung führt zu einer Feineinstellung des Abbaus und damit zu unterschiedlichen Mengen an Ethylen. Die Deletion der C-terminalen Region führt zum vollständigen Verlust der Degradation (Joo *et al.*, 2008).

AtPHOS32 konnte in einem Phosphoproteomics-Ansatz als Substrat von MPK3 und 6 identifiziert werden. AtPHOS32 ist ein 32 kDa kleines Protein und wird Minuten nach flg22-Inokulation an einem Serin-Rest innerhalb eines SP-Motivs phosphoryliert. *In-vitro*-Analysen zeigten eine effiziente Phosphorylierung von AtPHOS32, die bei Mutation des Serin-Restes verschwindet. Nach Immunopräzipition von MPK3 und 6 aus Zelllysat wurde keine Kinaseaktivität für den Serin-Rest nachgewiesen, so dass vermutet werden kann, dass ausschließlich MPK3/6 dieses Protein phosphorylieren. Die Funktion ist weitgehend unbekannt, allerdings ist die Phosphorylierungsstelle in Mono- und Dikotyledonen konserviert. Dies deutet auf eine Involvierung dieses Proteins in wichtigen Prozessen hin (Merkouropoulos *et al.*, 2008).

Agrobakterium-induzierte MPK3 phosphoryliert den bZIP Transkriptionsfaktor **VIP1** (VirE2-interacting protein 1) an S79, welcher dadurch innerhalb von 5 Minuten im Zellkern lokalisiert und dort indirekt die Expression des *PR1*-Gens reguliert. VIP1 transferiert T-DNA,

bindet an VIP1-responsive Elemente (VRE) und erhöht die Expression von *MYB44* (*MYB DOMAIN PROTEIN 44*) und *TRXH8* (*THIOREDOXIN H-TYPE 8*) nach flg22-Induktion. VIP1 könnte zur Kontrolle anderer primärer Abwehrreaktionen mit weiteren Transkriptionsfaktoren interagieren (Pitzschke *et al.*, 2009a,b). Vermutlich haben Agrobakterien während ihrer Evolution den Umstand ausgenutzt, um nach Erkennung VIP1 als T-DNA Shuttle zu nutzen und so in den Wirtskern zu gelangen (Djamei *et al.*, 2007).

Der Transkriptionsfaktor **ERF104** (ETHYLENE-RESPONSE FACTOR 104) wird innerhalb von 5-15 Minuten von MPK6 phosphoryliert. ERF104 und MPK6 bilden in der nicht-infizierten Zelle einen Komplex der durch Einwirkung von flg22 und endogenem Ethylen im Protoplasten zerstört wird. Der Komplex liegt im Nukleus vor, so dass ERF104 nach Freilassung von MPK6 die entsprechenden Zielgene beeinflussen kann. Sowohl die Überexpression als auch Deletion von ERF104 führten zu erhöhter Suszeptibilität gegenüber Pathogenen, was nahe legt, dass ERF104 strenger Regulation unterliegt (Bethke *et al.*, 2009b). Der Einfluss von Ethylen auf die schnelle Auflösung des Komplexes suggeriert außerdem eine rapidere Ethylenbiosynthese nach PAMP-Perzeption als bis *dato* angenommen. Ethylen-Signalwege scheinen also Protein-Protein Interaktionsdynamiken zu kontrollieren (Bethke *et al.*, 2009a).

NO bzw. H_2O_2 sind als Signalmoleküle in eine Vielzahl von Stressreaktionen involviert (Neill *et al.*, 2002). H_2O_2 kann MPK6 aktivieren, welches nachgeschaltet **NIA2** (NITRATREDUKTASE 2) an S627 phosphorylieren kann. Dies erhöht die Aktivität von NIA2 stark. Eine S627A-Mutante konnte nicht phosphoryliert werden. Neben NIA2 existiert eine weitere Nitratreduktase, NIA1, welche eine untergeordnete Rolle spielt. Ca. 90% der absoluten Aktivität in Wurzelzellen originiert aus NIA2. Nitratreduktasen katalysieren NADP(H)-abhängig die Umwandlung von Nitrit in NO. Dies löst zum Beispiel morphologische Änderungen im Wurzelsystem aus. Die H_2O_2-induzierte NO-Synthese, die abhängig von MAPK-Kaskaden ist, könnte eine Amplifizierungsschleife von NO-Signalen während der Wurzelentwicklung sein (Wang *et al.*, 2010b). Weiterhin scheinen H_2O_2 und NO über die Regulierung von MAPKs die Aktivierung von Genexpression zu steuern (Neill *et al.*, 2002).

MKS1 (MAP-Kinase Substrat 1) konnte als Substrat von MPK4 identifiziert werden und wird für die vollständige Resistenz in *mpk4*-Mutanten benötigt (Andreasson *et al.*, 2005). MKS1 interagiert *in vivo* mit MPK4 (Andreasson *et al.*, 2005) und WRKY33 (WRKY DNA-BINDING PROTEIN 33). Vermutlich bilden diese einen ternären Komplex im Nukleus zur Regulierung von WRKY33-Aktivität. Die Aktivierung von MPK4 führt zur Phosphorylierung von MKS1 an S72/S108 (Caspersen *et al.*, 2007) und damit zur Entfernung von MPK4 aus dem Komplex. Der MKS1-WRKY33-Komplex scheint unabhängig von der MKS1-Phosphorylierung in infizierten und uninfizierten Zellen zu bestehen. WRKY33 beeinflusst den Promotor von PAD3 (*PHYTOALEXIN-DEFICIENT 3*) und somit die Camalexin-Biosynthese. Der binäre Komplex optimiert vermutlich die Funktion von WRKY33 (Qiu *et al.*, 2008). Durch Deletionsmutanten konnten die Bindungsdomänen für MKS1 bestimmt werden. Der N-Terminus beinhaltet eine

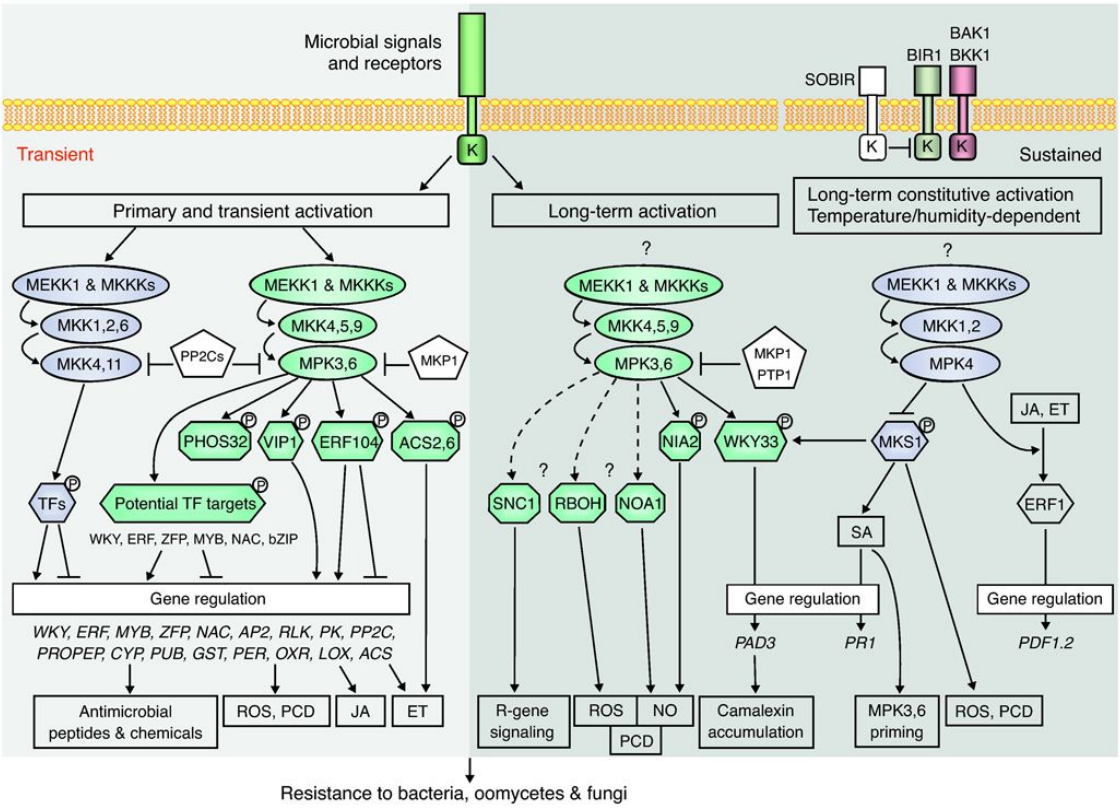


Abbildung 1.4: MAPK-Netzwerke nach PAMP-Perzeption am Rezeptor. Eine schnelle Aktivierung von mindestens zwei MAPK-Kaskaden induziert die erste Abwehrantwort (links). Bisher sind nur wenige identifizierte MPK3/6-Substrate bekannt. Diese werden innerhalb von Minuten phosphoryliert. Veränderung der Aktivität von Transkriptionsfaktoren induziert eine Reihe veränderter Genexpressionen, die zur erhöhten Resistenz gegenüber Pathogenen führt. Die ausgelösten biologischen Reaktionen umfassen die Synthese von antimikrobiellen Substanzen, programmierter Zelltod (PCD, *programmed cell death*), die Produktion von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS, *reactive oxygen species*), Stickstoffmonoxid (NO) und Stresshormone. Die Langzeitaktivierung von MAPKs (Mitte) führt zur Akkumulation von Camalexin. Weitere Veränderungen finden in der JA- und ET-Antwort (JA, jasmonic acid; ET, ethylene) statt. (Tena *et al.*, 2011)

putative Kinase-Bindungsdomäne, die mit MPK4 interagieren kann. WRKY33 dagegen bindet an ein Pflanzen-spezifisches VQ-Motiv. MKS1 ist Teil einer kleinen Proteinfamilie, die diese konservierte VQ-Domäne mit unbekannter Funktion teilen. Außerhalb dieser Region sind die Proteine dieser Familie divers (Petersen *et al.*, 2010).

MKP1 (MAP-Kinase Phosphatase 1) gehört zur Familie der MAPK-Phosphatasen, die z.B. MAPKs negativ regulieren. Eines dieser Substrate ist bspw. MPK6, umgekehrt ist MKP1 aber ebenfalls Substrat von MPK6. Es konnten vier Phosphorylierungsstellen nachgewiesen werden, die nach gerichteter Mutation dieser Stellen verschwinden. Außerdem konnte gezeigt werden, dass MKP1 und MPK6 *in vitro* interagieren und die Phosphorylierung von MKP1 die eigene Aktivität in etwa zweifach verstärkt (Park *et al.*, 2011). Analysen der *mpk6*-Mutante demonstrierten die Kompensation des Phosphorylierungsverlusts durch MPK6 über andere, nicht näher bestimmte Kinasen (González Besteiro und Ulm, 2013).

Der Transkriptionsfaktor **WRKY33** stellt eine Schlüsselkomponente bei der Pathogen-induzierten Camalexin-Biosynthese dar. *Botrytis cinerea*-Infektion von *Arabidopsis thaliana* führt zur Aktivierung der MPK3/6, die beide WRKY33 im N-terminalen Bereich phosphorylieren können. Durch Mutationen der fünf möglichen Kinase-Phosphorylierungsstellen bleibt WRKY33 unphosphoryliert und die Camalexin-Biosynthese findet nur in geringem Maß statt. Die Phosphorylierung ist also für eine vollständige Funktion notwendig. WRKY33 bindet sowohl an den eigenen Promotor als auch an den von *PAD3* (*CYP71B15*), wobei die Bindungsaktivität der W-Box von WRKY33 nicht durch die Phosphorylierung beeinflusst wird (Mao *et al.*, 2011). Spätere Studien zeigten, dass die Camalexin-Biosynthese nicht ausschließlich von WRKY33 abhängt. In *WRKY33*-Mutanten wird die *PAD3*-Expression ebenfalls stimuliert und Camalexin synthetisiert, allerdings mit Verzögerung. Zudem konnte eine positive Regulation der JA- und ET-Signalwege sowie eine negative Beeinflussung der SA-Signalwege durch WRKY33 gezeigt werden (Birkenbihl *et al.*, 2012).
Da hier ein Protein durch unterschiedliche Kinasewege reguliert wird, wenn auch durch Befall verschiedener Organismen, kann davon ausgegangen werden, dass MPK6-Substrate mit dem MPK4-Signalweg verknüpft sind und somit zwei unterschiedliche MAPK-Zweige verbunden werden (Colcombet und Hirt, 2008).
Ein weiteres Substrat konnte nach Trockenstress identifiziert werden. Die durch Trockenstress aktivierte MPK6 phosphoryliert **DCP1** (DECAPPING 1). Phosphoryliertes DCP1 begünstigt die Assoziation mit DCP5, 2 und sich selbst und erhöht damit die *Decapping*-Aktivität *in vivo*. Der MPK6-DCP1-DCP5-Signalweg ist wichtig für globale Transkriptänderungen. Stress-induziertes *Decapping* ist essentiell für eine adäquate Stressadaption (Xu und Chua, 2012).

1.3 Camalexin und Glucosinolate als antimikrobielle Substanzen während der Pathogenabwehr

Neben den bisher beschriebenen Reaktionen der Pflanze auf Pathogene produzieren Pflanzen niedrig-molekulare, sekundäre Metabolite mit antimikrobiellen Eigenschaften. Diese werden *de novo* als Respons auf Stress synthetisiert.
Bekannt sind unter anderem Phytoalexine mit ihrem Hauptvertreter Camalexin (3-thiazol-2'-yl-indol). Camalexin wurde zuerst aus einer Pflanze der *Brassicaceae*, *Camelina sativa*, isoliert (Browne *et al.*, 1991). Eine Reihe von biotrophen (*Phytophthora brassicae*) sowie nekrotrophen Organismen (*Botrytis cinerea*) sind in der Lage die Camalexin-Synthese zu verursachen (Ahuja *et al.*, 2012). Dabei reagiert die Pflanze auf verschiedenste PAMPs wie Peptidoglykane, flg22 oder Chitosan (Gust *et al.*, 2007; Povero *et al.*, 2011). Der Anstieg der Camalexin-Level konnte in Blättern, Keimlingen und Wurzeln gezeigt werden, wobei ein stark eingegrenzter Bereich um die Läsion betroffen ist (Kliebenstein *et al.*, 2005; Millet *et al.*, 2010). Die Camalexin-Produktion scheint ebenfalls unabhängig vom *Arabidopsis*-Ökotyp zu sein mit Ausnahme von

Unterschieden in der Ausprägung der Produktion nach Befall verschiedener Pathogene. *In vitro* wurde antimikrobielle Aktivität gegen Bakterien, Pilze und Oomyceten nachgewiesen (Sellam *et al.*, 2007). Genaue Wirkungsmechanismen sind aber unbekannt. Es wird vermutet, dass Camalexin die Zellwand schädigt oder programmierten Zelltod auslöst (Joubert *et al.*, 2011; Shlezinger *et al.*, 2011). Pathogene besitzen eine Reihe von Mechanismen zur Detoxifikation von Camalexin. Dabei wird Camalexin durch Glucosylierung oder Produktion von 3-Indolcarboxylsäure metabolisiert (Pedras *et al.*, 2011).
Der Einfluss verschiedener Signalwege zur Kontrolle der Camalexin-Induktion ist abhängig vom angreifenden Organismus, wobei bspw. JA-, SA-, Ethylen- und Auxin-abhängige sowie -unabhängige Camalexin-Produktion nachgewiesen werden konnte (Ahuja *et al.*, 2012). miR393, eine pflanzliche microRNA, zielt auf Auxin-Rezeptoren ab. Dies führt zur Supression des Auxin-Signalweges und stabilisiert inaktive AUX/IAA-ARF-Komplexe. ARF9 ist ein Transkriptionsfaktor und positiver Regulator der Camalexin-Biosynthese. ARF1 und ARF9 sind Negativ-Regulatoren der Glucosinolat-Biosynthese. Das Festhalten der ARFs im Komplex ermöglicht die Umstellung von Camalexin- auf Glucosinolat-Biosynthese, was eine effektivere Resistenz gegen biotrophe Organismen erlaubt, aber auch die Suszeptibilität gegenüber nekrotrophen Organismen erhöht. Außerdem kann so eine SA-Antwort generiert werden, da Auxin dem SA-Signalweg nicht entgegen wirken kann (Robert-Seilaniantz *et al.*, 2011).
Die Camalexin-Biosynthese wird durch MAPK-Kaskaden beeinflusst. Die Expression von Genen, die in die Tryptophan-Biosynthese und in die Camalexin-Biosynthese (*CYP79B2*, *CYP71A13*, *CYP71B15*) involviert sind, werden über diese Kaskaden induziert (Ren *et al.*, 2008, Abb. 1.5). Außerdem gehen höhere Camalexin-Mengen mit erhöhter GST-Aktivität einher, wobei nach MKK9-Aktivierung drei Glutathion-S-Transferasen der phi-Klasse akkumulieren (Su *et al.*, 2011). Die Camalexin-Synthese wird auch durch die MKK4/MKK5-MPK3/6-Kaskade über die transkriptionelle Regulierung von *WRKY33* und WRKY33-Phosphorylierung beeinflusst (Mao *et al.*, 2011). WRKY33 kontrolliert Camalexin durch Regulation von z.B. *PAD3* und *CYP71A13* (Qiu *et al.*, 2008). Weitere Transkriptionsfaktoren wie WRKY18/40 spielen eine Rolle, da bei deren Abwesenheit Gene des Syntheseweges aktiviert werden und höhere Camalexin-Mengen im Vergleich zum Wildtyp entstehen (Pandey *et al.*, 2010).
Glucosinolate sind eine diverse Gruppe aus Stickstoff- und Schwefel-enthaltenden Verbindungen, die vorzugsweise in *Brassicaceae* zu finden sind (Fahey *et al.*, 2001). Diese sind eher nicht-reaktiv, hydrophil, nicht-volatil und werden in den Vakuolen gespeichert (Koroleva *et al.*, 2000). Sie werden in drei Gruppen klassifiziert: aliphatisch, aromatisch und indolisch je nach Ursprungsaminosäure, wobei Met-abgeleitete Glucosinolate die größte und strukturell diverseste Gruppe darstellen (Grubb und Abel, 2006; Field *et al.*, 2004).
Glucosinolate werden erst bioaktiv, wenn diese hydrolysiert werden. Die Hydrolyse wird durch endogene Myrosinasen katalysiert. Dabei entstehen eine Reihe von physiologisch, aktiven Produkten wie Isothiocyanate (ITC), Thiocyanate, einfache Nitrile, Epi-

thionitrile und Oxazolidine-2-thione (Agerbirk *et al.*, 1998). Das gebildete Hydrolyse-Produkt hängt dabei stark von Umweltfaktoren, der chemischen Struktur der Seitenkette und Myrosinase-assoziierten oder *Specifier*-Proteinen ab (Wittstock und Halkier, 2002). Myrosinase-assoziierte Proteine sind bspw. ESM1 (EPITHIOSPECIFIER PROTEIN (ESP) MODIFIER 1, Zhang *et al.*, 2006). Das Glucosinolat-Myrosinase-System wird durch Verletzung des Gewebes ausgelöst und hat Anteil an der pflanzlichen Abwehrantwort nach Befall durch Herbivoren, Nematoden und Pathogenen (Tierens *et al.*, 2001). Unterschiedliche Regionen der Blätter speichern dabei verschiedene Mengen an Glucosinolaten, wodurch sich ihre Reaktion auf Insekten unterscheidet (Shroff *et al.*, 2008).

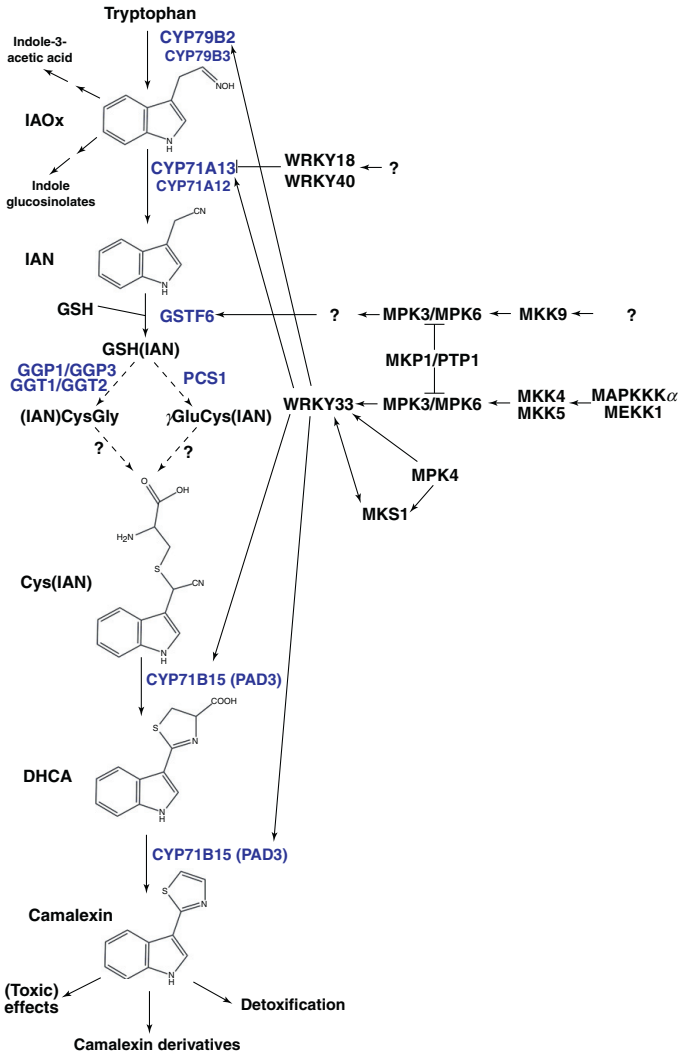


Abbildung 1.5: Camalexin-Biosynthese und regulatorische Mechanismen. CYP, Cytochrome P450; DHCA, Dihydrocamalexinsäure; GGP1/3, g-Glutamylpeptidase 1 and 3; GGT1/2, g-Glutamyltranspeptidase 1/2; GSH, Glutathion; GSTF6, Glutathion-S-transferase F6; IAN, Indol-3-acetonitril; IAOx, Indol-3-acetaldoxim; MEKK/MAPKKK, Mitogen-aktivierte Protein (MAP)-Kinase-Kinase-Kinase; MPK, MAPK; MKK, MAP-Kinase-Kinase; MKP1, MAPK-Phosphatase 1; MKS1, MAP-Kinase Substrat 1; PAD3, Phytoalexin-defizient 3; PCS1, Phytochelatinsynthase 1; PTP1, Protein-Tyrosinphosphatase 1 (Ahuja *et al.*, 2012).

Sowohl Camalexin als auch Glucosinolate spielen eine Rolle in der Abwehr gegen Pilze. Pflanzen, die in der Camalexin- bzw. in der indolischen oder aliphatischen Glucosinolat-Biosynthese Mutationen aufweisen, waren hyper-suszeptibel gegenüber *Sclerotinia sclerotium* (Stotz *et al.*, 2011). Indolische Glucosinolate limitieren weiterhin das Wachstum von nicht-adaptierten und adaptierten, nekrotrophen Pilzen auf *Arabidopsis thaliana* (Sanchez-Vallet *et al.*, 2010).

Die Konversion der Vorläufer-Aminosäure Tryptophan in das entsprechende Aldoxim durch die P450 Monooxygenasen CYP79B2/3 stellt den Beginn der

Glucosinolat-Biosynthese dar (Sønderby *et al.*, 2010). Im Hauptteil wird das Aldoxim zur Bildung von Indol-3-methyl-desulfoglucosinolat genutzt, welches durch die Sulfotransferase SOT16 zum finalen Glucosinolat (Indol-3-methyl-glucosinolat) verschwefelt wird. Die Cytochrom P450 Monooxygenase CYP81F2 und 2-O-Methyltransferasen sind essentiel für die Pathogen-induzierte Akkumulation von 4-Methoxy-Indol-3-ylmethylglucosinolat (4MeOI3G) ist (Pfalz *et al.*, 2011). Dieses Produkt kann durch PEN2 (PENETRATION 2), eine Myrosinase, in Metabolite hydrolysiert werden, die wichtig für die Abwehr gegen pilzliche Pathogene sind (Bednarek *et al.*, 2009). PEN2 und CYP81F2 wirken bspw. in der Abwehr gegen *Plectosphaerella cucumerina* und *Colletotricum*-Arten (Sanchez-Vallet *et al.*, 2010; Hiruma *et al.*, 2010).

1.4 Zielsetzung

Ein signifikanter Bestandteil der Pathogenabwehr wird über MAPK-Signalkaskaden abgewickelt, indem ein extra-zelluläres Signal in einen intrazellulären Stimulus übersetzt und so eine adäquate Respons gebildet wird. Die endständigen MAPKs einer solchen Kaskade werden durch Phosphorylierung aktiviert, versehen ihrerseits die Substrate mit Phosphorylierungen und können die Aktivität sowie Lokalisation dieser Proteine beeinflussen. Substrate können unter anderem Transkriptionsfaktoren und Enzyme sein, die bis heute allerdings nur zu einem kleinen Teil bekannt sind (NIA2, WRKY33, ACS6, VIP1, PHOS32, etc.).
Ein zentraler Bestandteil der vorliegenden Arbeit lag in der Identifikation neuer, putativer Substrate von zwei der wichtigsten MAPK, MPK3 und MPK6, sowie der Analyse proteinbiochemischer und metabolischer Modulationen in der Pflanze nach exklusiver Aktivierung dieser beiden MAPKs.
Dafür kamen sowohl Wildtyp-Pflanzen (Col-0) als auch Mutanten-Pflanzen zum Einsatz. Zum einen sollte zwischen MPK3- und MPK6-Substraten unterschieden werden *(mpk3*, *mpk6*), zum anderen sollten Kreuzreaktionen anderer, späterer Komponenten ausgeschlossen werden (*ein2*, *ein3/eil1*, *rbohD*). In diese Pflanzen sollten Konstrukte eingebracht werden, die eine aktive bzw. eine inaktive Variante der *upstream*-MAP-Kinase-Kinase der MPK3/6 beinhaltet. Diese sogenannte MKK5 aus *Petroselinum crispum* steht unter der Kontrolle eines DEX-induzierbaren Promotors. Einfaches Besprühen mit dem Hormon DEX sollte MPK3/6 in einen phosphorylierten Zustand versetzen und damit die Zusammensetzung des Phosphoproteoms verändern. Vergleichende Phosphoprotein-Anreicherung sollte Hinweise auf putative Substrate geben. Die Veränderungen im Phosphoproteom sollten mit denen des Proteoms und Metaboloms in Verbindung gebracht werden.
Zum Erhalt verlässlicher Daten des Phosphoproteoms nach Aktivierung der MPK3/6 sollte eine einfache, günstige und reproduzierbare Methode zur Anreicherung von Phosphoproteinen aus grünem Blattmaterial etabliert werden.

2 Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Pflanzen

Als Basis für folgende Arbeit diente der Modellorganismus *Arabidopsis thaliana*. Dabei stand der Wildtyp Columbia (Col-0), welcher durch die Arbeiten infolge des *Arabidopsis* Genomprojektes vollständig sequenziert wurde (The Arabidopsis Genome Initiative, 2000), im Mittelpunkt. Weitergehende Untersuchungen wurden an diversen Mutanten von *Arabidopsis thaliana* vorgenommen (*mpk3*, *mitogen-activated protein kinase 3*; *mpk6*, *mitogen-activated protein kinase 6*; *ein2*, *ethylen-insensitive 2*; *ein3/eil1*, *ethylen-insensitive 3/ethylen-insensitive3-like 1*; *rbohD*, *respiratory burst oxidase homologue D*; *rbohF*, *respiratory burst oxidase homologue F*). Die Samen der verwendeten Pflanzenlinien wurden von Dr. Justin Lee gestellt.

2.1.2 Chemikalien und Kits

Die Laborchemikalien mit analytischem Reinheitsgrad sind, wenn nicht getrennt vermerkt, von nachstehenden Firmen: Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg), Sigma-Aldrich (Taufkirchen), VWR (Darmstadt), Merck (Läufelfingen), Riedel-de-Haën (Seelze).

Tabelle 2.1: Auflistung der für diese Arbeit verwendeten Kits.

Name	Hersteller/Lieferant
2-D Quant Kit	GE Healthcare, Hercules, USA
2-D Clean-Up	GE Healthcare, Hercules, USA
Pro-Q® Diamond Phosphoprotein Gel Stain	Life technologies, Darmstadt
Novex® Colloidal Blue Staining Kit	Life technologies, Darmstadt

2.1.3 Geräte und Software

Tabelle 2.2: Auflistung der für diese Arbeit verwendeten Geräte und Software.

Geräte/Software	Hersteller/Lieferant
LC-MS/MS	
Komponente 1: nEasy-LC	Thermo Fisher Scientific, Bremen
Komponente 2: LTQ Orbitrap Velos	Thermo Fisher Scientific, Bremen
Typhoon™ 9410 Variable Mode Imager	GE Healthcare, Hercules, USA
Uvikon Spectrophotometer 940	Kontron Instruments

Tabelle 2.2: Auflistung der für diese Arbeit verwendeten Geräte und Software.

Geräte/Software	Hersteller/Lieferant
DU®800 Spectrophotometer	Beckman Coulter, Krefeld
Centrifuge 5810R	Eppendorf, Hamburg
Centrifuge 5415D	Eppendorf, Hamburg
Precellys 24	Bertin Technologies, Rockville, USA
Protean 3/Protean Dodeca/Criterion	Bio-Rad, München
Image Scanner III	GE Healthcare, Hercules, USA
ImageJ	National Institute of Health, Bethesda, USA
Scaffold	Proteome Software Inc., Portland, USA
Progenesis LC-MS	Nonlinear, Durham, USA
Proteome Discoverer 1.3/1.4	Thermo Fisher Scientific, Bremen
RawMeat	Vast Scientific
Mascot	Matrix Science, Boston, USA

2.2 Methoden

2.2.1 Pflanzenanzucht

Die Pflanzensamen wurden auf Erde/Vermikulit in kleinen Pflanztöpfen ausgesät. Zur besseren Bewässerung wurde unter den Töpfen Perlit ausgelegt. Um für eine gleichmäßige Keimung aller Samen zu sorgen, verblieben diese über Nacht bei 4°C in Dunkelheit. Die Pflanzen wurden unter konstanten Kurztagsbedingungen (23°C, 8 h Tag, 125 µE; 20°C Nacht) in einem Phytoschrank (Percival Scientific) angezogen. Nach zwei Wochen erfolgte das Pikieren der jungen Pflanzen, die anschließend weitere vier Wochen unter den gleichen Wachstumsbedingungen kultiviert wurden.

2.2.2 Behandlung und Ernte

Für die Experimente wurden sechs Wochen alte Pflanzen genutzt. Die Behandlung der Pflanzen ist dabei zu unterscheiden. Für die Etablierung der Phosphoprotein-Anreicherung wurden Blätter von *Arabidopsis thaliana* Wildtyp, Col-0, unbehandelt geerntet. Für die Analyse der Transformanten-Linien wurden diese mit 20 µM Dexamethason (M = 392,5 g/mol) in 0,0075% Silwet besprüht und anschließend Blätter gesammelt. Die Ernte erfolgte zu bestimmten Zeitpunkten nach DEX-Behandlung. Für ein erstes Experiment wurden Blätter über einen Zeitraum von vier bis sechs Stunden (5 h) geerntet und zu einem Pool vereint. Später wurde nach vier Stunden (+/- 10 Minuten, 4 h) und ebenfalls in einem Zeitraum von sechs bis sieben (7 h)

und sieben bis acht Stunden (8 h) geerntet. Für die Mutanten *mpk3* DD (4 h) und *mpk6* DD (8 h) gab es nur einen Zeitpunkt. Die geernteten Blätter wurden sofort in flüssigem Stickstoff eingefroren und bis zur weiteren Verwendung bei -80°C eingelagert.

2.2.3 Generation der Transformanten-Linien

Anzucht *Agrobacterium*

Agrobacterium mit dem entsprechenden Vektor (pTA 7002 MEK2 DD bzw. KR, MEK2 aus *Petroselinum crispum*; Abb. 2.1) wurde aus Glycerin-Kultur auf LB-Platte mit Kanamycin ausgestrichen und 2-3 Tage bei 28°C inkubiert. Danach wurde eine Kolonie in 20 µL sterilem Wasser resuspendiert und auf einer neuen Platte mit Kanamycin aufgetragen. Die Inkubation erfolgte für mindestens 2 Tage bei 28°C. Die dicht gewachsenen Bakterien wurden in flüssigem LB resuspendiert. Der OD_{600} dieser Lösung sollte mindestens 2,0 betragen. Pro Transformation wurde die Bakterien-Lösung mit 120 mL 5% Sucrose-Lösung und 0,03% Silwet vermischt.

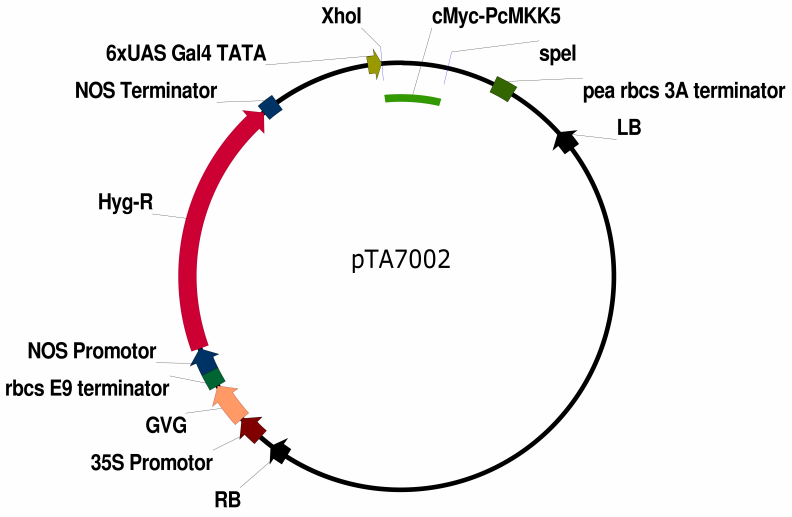


Abbildung 2.1: Vektor pTA7002 MEK2. Der Vektor enthält entweder die aktive (DD) bzw. inaktive (KR) Variante der MKK5 aus *Petroselinum crispum*.

Dip-Transformation

Von blühenden *Arabidopsis* Pflanzen (Col-0, *mpk3*, *mpk6*, *ein2*, *ein3/eil1*, *rbohD*, *rbohF*) wurden alle bereits ausgebildeten Schoten entfernt. Anschließend wurden die Pflanzen mehrfach in die vermischte Bakterien-Lösung getaucht und befeuchtet über Nacht in Dunkelheit liegen gelassen. Nach 5-7 Tagen im Gewächshaus wurde die Dip-Transformation wiederholt. Die Pflanzen standen nach der Transformation bis zur Samenreife unter Langtagbedingungen (21°C, 16 h Tag; 19°C Nacht) im Gewächshaus. Die erhaltenen Samen wurden sofort gesiebt und bis zur Nutzung gelagert.

Sterilisation der Samen

In Flüssigkeit. Ein halber, kleiner Spatel *Arabidopsis* Samen wurde in einem Reaktionsgefäß zunächst 2 min mit 70% Ethanol (v/v) gewaschen. Nach Entfernen des Ethanols wurde mit 750 µL Hypochlorid (1:2 mit Wasser verdünnt) für 3 min inkubiert. Durch 4- bis 5-maliges Waschen mit sterilem Wasser wurde das Hypochlorid restlos entfernt. Die sterilen Samen wurden sofort genutzt.
In Gas. Ein kleiner Spatel *Arabidopsis* Samen wurde in ein Reaktionsgefäß abgefüllt und im Exikator mit Chlorgas (10 mL 12%-iges Natriumhypochlorid (w/v), 5 mL HCl) bedampft. Nach 45 min wurde das Chlorgas für eine Stunde abgesaugt und die Samen bis zur weiteren Nutzung gelagert.

Hygromycin-Selektion

Die Samen wurden auf 1/2 MS-Medium (2,2 g/L MS (Murashige & Skoog), 8 g/L Agar) mit Hygromycin (c= 20 µg/mL) gleichmäßig ausgelegt. Diese wurden zwei Tage bei 4°C in Dunkelheit stratifiziert. Nach sechs Stunden Licht wurden die Samen weitere drei Tage in Dunkelheit bei 23°C belassen. Danach erfolgte die Markierung positiver Transformanten. Die Pflanzen verblieben für eine Woche im Licht auf Medium und wurden anschließend auf Erde transferiert. Bei Erreichen einer ausreichenden Größe konnte die Selektion mittels PCR erfolgen.

PCR-Selektion

Pro Pflanze wurde ein kleines Blatt in N_2 gemörsert und mit 50 µL NaOH (0,25 M) homogenisiert. Nach Inkubation bei 95°C für eine Minute wurde 1/2 Vol. Igepal (0,5%, Sigma)

Tabelle 2.3: Einzelne Schritte des genutzten PCR-Programms.

Vorgang	Temperatur [°C]	Zeit [s]	Wiederholung
Initialisierung	94	60	
Denaturierung	94	10	}
Hybridisierung	60	30	} x40
Elongation	72	90	}
Finale Elongation	72	300	
	14	∞	

zugegeben. Die Lösung wurde mit einem Vol. HCl (0,25 M) neutralisiert und für zwei Minuten bei 95°C inkubiert. Für die PCR wurden 2µL DNA eingesetzt und nach folgendem Programm (Tab. 2.3) amplifiziert. Dabei kamen drei verschiedene Primer-Paarungen (Tab. 2.4) zum Einsatz.

Tabelle 2.4: Auflistung der für diese Arbeit verwendeten Primer.

Bezeichnung	Sequenz
PcMKK5 fw	5'-cgtcaacgtccacgacgtcg-3'
pTA pea rev	5'-tgaaactgatgcattgaacttgacg-3'
lowHygB	5'-gcgcgtctgctgctccatacaa-3'
uppHygB	5'-agctgcgccgatggtttctacaa-3'
AtEF-1α rev	5'-cacatcaacattgtggtcattggc-3'
AtEF-1α fw	5'-gatctggtcaagagcctcaag-3'

Immunoblot-Detektion zur Selektion positiver Transformanten

Circa ein cm große Blätter der zu testenden Pflanzen wurden in einer Dexamethason-Lösung (20 µM DEX, 0,0075% Silwet (v/v)) inkubiert. Nach 10 Stunden wurden die Blätter abgetupft, sofort eingefroren und für 30 Sekunden gemörsert. Nach Zugabe von 20 µL 2fachem Ladepuffer (siehe Tab. 2.7) wurden die Proben für eine Minute angetaut und anschließend dreimal für 20 Sekunden mit einer Pause von je 10 Sekunden und 6000 Umdrehungen vermischt. Die Proben wurden danach für 10 Minuten bei 95°C abgekocht und nach Abkühlung und Zentrifugation auf ein 12%-iges SDS-Gel aufgetragen (siehe Kap. 2.2.8). Der Immunoblot wurde entsprechend Kapitel 2.2.9 und Tabelle 2.9 für den cMyc-Antikörper durchgeführt.

2.2.4 Phenolische Proteinextraktion

Die Extraktion wurde mit gemörsertem und gefrorenem Blattmaterial und den Lösungen aus Tabelle 2.5 durchgeführt. Das Blattmaterial wurde mit drei Vol. Extraktionspuffer versehen und 20 Minuten bei 4°C stark geschüttelt. Anschließend wurde das Gemisch 15 Minuten bei 3220xg (Eppendorf Centrifuge 5810R) und 4°C zentrifugiert. Der Überstand wurde abgenommen, erneut zentrifugiert und danach filtriert (Rotilabo® Spritzenfilter 0,45 µM; Roth, Karlsruhe). Das Filtrat wurde mit gleichem Vol. Tris-EDTA-gepufferten Phenol (Roth) versetzt, eine Minute gemischt und fünf Minuten auf Eis inkubiert. Für eine bestmögliche Phasentrennung wurde der Ansatz 15 Minuten bei 4°C und 3220xg zentrifugiert. Die untere Phase wurde transferiert, mit dem gleichen Vol. Reextraktionspuffer vermischt und für 15 Minuten bei 3220xg und 4°C zentrifugiert. Nach wiederholter Zugabe von Reextraktionspuffer, vermischen und erneuter Zentrifugation, wurde die untere Phase mit 5fachem Vol. an Fällungslösung versetzt und bei -20°C über Nacht inkubiert. Die gefällten Proteine wurden 15 Minuten bei 4°C und 3220xg präzipitiert und das Pellet anschließend zuerst mit drei mL Fällungslösung und darauf folgend zweimal mit je drei mL Waschlösung gewaschen. Das Pellet wurde 5 Minuten getrocknet und in einem entsprechenden Puffer aufgenommen. War die Probe für die Metalloxid-Affinitätschromatographie vorgesehen, wurde Inkubationspuffer (siehe Tab. 2.6) verwendet. Für gel-elektrophoretische

Tabelle 2.5: Auflistung der für die phenolische Extraktion genutzten Lösungen.

Lösung	Komponente
Extraktionspuffer	100 mM HEPES-KOH, pH 7.5 5% (v/v) Glycerol 5 mM EDTA 0,1% (v/v) β -Mercaptoethanol (frisch dazu gegeben) 1% (v/v) Protease-Inhibitor (Sigma-Aldrich) (frisch dazu gegeben) 1% (v/v) Phosphatase-Inhibitor II & III (Sigma-Aldrich) (frisch dazu gegeben)
Reextraktionspuffer	100 mM Tris-HCl, pH 8.4 20 mM KCl 10 mM EDTA 0,4% (v/v) β -Mercaptoethanol (frisch dazu gegeben)
Fällungslösung	100 mM Ammoniumacetat in Methanol (-20°C)
Waschlösung	20% 50 mM Tris-HCl, pH 7.5 (v/v) 80% Aceton (-20°C) (v/v)
Shotgun-Puffer	50 mM Tris-HCl, pH 8.5 8 M Harnstoff

sowie massenspektrometrische Analysen wurde das Pellet in Shotgun-Puffer gelöst. Für beide Puffer wurde das Pellet in einer adäquaten Menge aufgenommen, 10 Minuten mit Ultraschall gelöst und nach fünf-minütiger Zentrifugation (15700xg) wurde der Überstand abgenommen.

2.2.5 Vorfraktionierung der Proteinextrakte

Die Extraktion wurde ebenfalls mit gemörsertem und gefrorenem Blattmaterial durchgeführt. Die Prozessierung erfolgte bis zur Filtrierung des Überstandes analog zur phenolischen Proteinextraktion. Anschließend wurde das genaue Volumen bestimmt. Die chemische Fraktionierung erfolgte über eine Fällung mit Ammoniumsulfat. Unter stetigem Rühren wurde dabei das Ammoniumsulfat portionsweise dem Filtrat bei 4°C bis zu einer Endkonzentration von 40% (entspricht 226 g/L Ammoniumsulfat) zugeführt. Nach vollständigem Lösen des Ammoniumsulfats wurde der Ansatz für 30 Minuten bei 4°C inkubiert. Anschließend erfolgte die Zentrifugation bei 4°C und 3220xg für 15 Minuten. Der Überstand wurde vollständig entfernt. Die gefällten Proteine wurden zuerst zweimal mit 3 mL Waschlösung und darauf folgend einmal mit 3 mL Aceton (-20°C) gewaschen. Das Pellet wurde 10 Minuten getrocknet und analog zur phenolischen Proteinextraktion behandelt.

2.2.6 Proteinquantifizierung

2D-Quant-Kit

Die Bestimmung der in der Probe enthaltenen Proteinmenge wurde nach Herstellerangaben mit dem 2D-Quant Kit durchgeführt. Die Proteinkonzentration wurde dabei durch Doppelbestimmung ermittelt. Die Eichgerade wurde mit folgenden Konzentrationen bestimmt: 0, 10, 20, 30, 40, 50 µg/µL (BSA). Die Messung der Extinktion erfolgte an einem Photometer mit einer Wellenlänge von 480 nm.

Bradford

Bei dieser Proteinbestimmungsmethode wurden in einer 96er-Platte (Elisa Microplates, GBO) neun µL Wasser vorgelegt und jeweils ein µL Probe darin pipettiert. In jede der Proben wurden 200 µL Bradford-Reagenz (1:5 verdünnt) hinzugefügt. Nach 15 Minuten Inkubation wurde die Absorption bei 595 nm gemessen. Die Doppelbestimmnung erfolgte mit folgender Eichreihe: 0, 1, 3, 5, 7 µg/µL (BSA).

2.2.7 Metalloxid-Affinitätschromatographie (MOAC)

Zunächst wurde die Matrix vorbereitet, indem 40 mg (pro 750 µg Protein) $Al(OH)_3$ (Sigma-Aldrich) eingewogen und mit 1,8 mL Inkubationspuffer (Tab. 2.6) gewaschen wurde. Anschließend wurde bei 18514xg (Eppendorf Centrifuge 5810R) für eine Minute zentrifugiert. Die Matrix verbleibt am Boden als Pellet, der Waschüberstand wurde verworfen und die 1,5 mL der Proteinprobe (c = 0,5 mg/mL) zugegeben. Der Ansatz wurde für eine gute Durchmischung stark geschüttelt und für 30 Minuten bei 4°C mit einem Rotator inkubiert. Um die Matrix abzusetzen, wurde bei 18514xg zentrifugiert, der Überstand verworfen und 1,8 mL Inkubationspuffer zugegeben. Nach starkem Schütteln und erneuter Zentrifugation bei 18514xg wurde dieser Waschschritt drei weitere Mal wiederholt. Zur vollständigen Pufferentfernung wurde nach der letzten Entnahme des Überstandes abermals zentrifugiert und letzte Flüssigkeitsreste abgenommen. Danach wurden 800 µL Elutionspuffer (Tab. 2.6) aufgetragen, mit der Matrix vermischt und für 45 Minuten bei Raumtemperatur mit einem Rotator inkubiert. Das Gemisch wurde zentrifugiert, der Überstand gesammelt und ein weiterer Elutionsschritt mit 400 µL Elutionspuffer durchgeführt. Die gesammelten Elutionsfraktionen wurden vereinigt und nochmals zwei Zentrifugationen unterzogen, um letzte Matrixreste zu entfernen. Der Ansatz konnte durch Anpassung der Volumina sowie Reaktionsgefäße entsprechend angepasst werden. Für eine bessere Präzipitation mit dem 2D-Clean Up Kit wurde das Volumen der Elution unter Benutzung von Zentrifugen-Filtereinheiten (Amicon® Ultra-4 Centrifugal Filter

Tabelle 2.6: Auflistung der für die MOAC genutzten Lösungen.

Lösung	Komponente
Inkubationspuffer	30 mM MES 20 mM Imidazol 200 mM Aspartat 200 mM Glutamat 8 M Harnstoff 0,25% (w/v) CHAPS pH 6.1
Elutionspuffer	8 M Harnstoff 100 mM Kaliumpyrophosphat pH 9.0

Units, 3 kDa *Cut-Off* (Millipore, Bilterica, USA)) aufkonzentriert. Die Zentrifugation erfolgte nach den maximal anwendbaren Drehzahlen des Herstellers und bei einer Temperatur von 16°C. Zur Fällung der Proteine wurde das 2D-Clean Up-Kit nach Herstellerangaben verwendet. Die gefällten Proteine wurden in einem entsprechenden Volumen Shotgun-Puffer (Tab. 2.5) aufgenommen.

2.2.8 1D-Gele zur visuellen Analyse von Proteinproben

Vor dem Auftragen der Proben wurden diese mit 0,33 Vol. 4fachem Ladepuffer (Tab. 2.7) versetzt und für 5 Minuten bei 95°C denaturiert. Die Auftrennung nach der Größe erfolgte senkrecht mit Hilfe des SDS-PAGE-Systems nach Laemmli (Laemmli, 1970).

Tabelle 2.7: Auflistung der für die SDS-PAGE genutzten Lösungen.

Lösung	Komponente
Ladepuffer	0,313 M Tris-HCl, pH 6,8 50% Glycerol (v/v) 10% SDS (w/v) 0,05% (w/v) Bromphenolblau 0,5 M DTT
10x Laufpuffer (pro L)	30,3 g Tris 144 g Glycin 10 g SDS
Sammelgel 4% (1 mL pro Gel)	0,17 mL Acrylamid 30% 0,68 mL H_2O dest. 0,13 mL 0,5 M Tris-HCl, pH 6,8

Tabelle 2.7: Auflistung der für die SDS-PAGE genutzten Lösungen.

Lösung	Komponente
	0,01 mL 10% SDS (w/v)
	0,01 mL 10% APS (w/v)/ 0,001 mL TEMED
Trenngel 10%	1,7 mL Acrylamid 30%
(5 mL pro Gel)	1,9 mL H_2O dest.
	1,3 mL 1,5 M Tris-HCl, pH 8,8
	0,05 mL 10% SDS (w/v)
	0,05 mL 10% APS (w/v)/ 0,002 mL TEMED
Trenngel 12%	2,0 mL Acrylamid 30%
(5 mL pro Gel)	1,6 mL H_2O dest.
	1,3 mL 1,5 M Tris-HCl, pH 8,8
	0,05 mL 10% SDS (w/v)
	0,05 mL 10% APS (w/v)/0,002 mL TEMED

Dafür wurde eine Bio-Rad-Kammer (Mini Protean 2), gefüllt mit 1fachem Laufpuffer (Tab. 2.7), genutzt. Die Gele wurden zunächst bei 10 mA/Gel gestartet, um die Proteine in das Sammelgel einwandern zu lassen und anschließend bei 20 mA/Gel bis zum Ende laufen gelassen. Des Weiteren wurden vorgefertigte 12,5%ige Gele verwendet (Bio-Rad, München). Diese wurden in dem Criterion-System zunächst bei 100 V laufen gelassen und nach 10 Minuten bis zum Auslaufen der Bromphenol-Front auf 200 V angehoben. Für alle Gele wurden als Größenvergleich folgende Standards benutzt: PeppermintStick™ Phosphoprotein Molecular Weight Standards (Life technologies, Darmstadt), PageRuler™ Plus Prestained Protein Ladder (Thermo Fisher Scientific, Schwerte).

2.2.9 Immunoblot-Detektion

Immunoblot für den Nachweis von Kinase-Aktivität der MPK3/6

Ein Spatel gemörsertes Blattmaterial wurde nach Zugabe von 50 µL Kinaseextraktionspuffer (Tab. 2.8) für eine Minute angetaut und anschließend dreimal für 20 Sekunden mit einer Pause von je 10 Sekunden und 6200 Umdrehungen vermischt. Die Proben wurden danach für 10 Minuten bei 4°C abzentrifugiert und der Überstand in neue Reaktionsgefäße überführt. Die Proteinbestimmung erfolgte mittels Bradford (Kap. 2.2.6). 40 µg Protein pro Probe wurde mit 4fachem Ladepuffer (1:4) (Tab. 2.7) vermischt und für fünf Minuten bei 95°C denaturiert. Abgekühlte und zentrifugierte Proben wurden auf einem 10%igen SDS-Gel aufgetragen (Kap.

2.2.8). Das fertige Gel wurde in Blottinglösung (Tab. 2.8) equlibriert. Die Proteine wurden für eine Stunde bei 20 V und 1 mA/cm^2 auf eine Nitrocellulose-Membran übertragen. Alle weiteren Schritte wurden entsprechend Tabelle 2.9 für den TEY-Antikörper durchgeführt. Die Ladungskontrolle erfolgte durch Färbung der RuBisCO auf dem Blot mit Amidoschwarz.

Tabelle 2.8: Auflistung der für den Immunoblot genutzten Lösungen.

Lösung	Komponente
Kinaseextraktionspuffer	25 mM Tris HCl, pH 7,8 75 mM NaCl 15 mM EGTA, β -Glycerophosphat, 4-Nitrophenylphosphat (Sigma N6260) 10 mM $MgCl_2$ 1 mM NaF, DTT, PMSF 0,5 mM Na_3VO_4 0,1% Tween20 (v/v) 10 µg/mL Leupeptin, Aprotinin
Blotting-Puffer	25 mM Tris HCl, ph 8,3 mM Glycin 20% Methanol (v/v) 0,075% SDS
Waschpuffer	20 mM Tris HCl, pH 7,5 150 mM NaCl 0,05% Tween20 (v/v)

Tabelle 2.9: Zusammenfassung der Schritte für zwei verschiedene Immunoblot-Methoden.

Behandlung	TEY-Immunoblot	cMyc-Immunoblot
Blocken	1 h *Protein free Blocking solution*	1 h 5% Milchpulver (w/v) in Waschpuffer
1. Antikörper	über Nacht anti-TEY (1:5000) in *Protein free Blocking solution*	über Nacht anti-cMyc (1:5000) in 5% Milchpulver (w/v) in Waschpuffer
Waschen	4-mal 6 min 10% Waschpuffer	5-mal 7 min Waschpuffer
2. Antikörper	1 h anti-*rabbit* (1:5000) in *Protein free Blocking solution*	1 h anti-*mouse* (1:10000) in 5% Milchpulver (w/v) in Waschpuffer
Waschen	4-mal 6 min 10% Waschpuffer	5-mal 7 min Waschpuffer

2.2.10 Färbemethoden

ProQ Diamond-Phosphoproteinstaining

Diese Färbemethode (Tab. 2.10) zur Identifizierung von Phosphoproteinen in Proteingelen wurde nach einer abgewandelten Strategie genutzt (Agrawal und Thelen, 2005). Der Scanprozess erfolgte an einem Typhoon™ 9410 Variable Mode Imager mit dem Laser des Cy3-Kanales (Laser: *Green* 532 nm, Emissionsfilter: 580BP30, Spannung: 550-600 V). Zur besseren Visualisierung der Phosphoprotein-Färbung wurde die Grauabstufung mittels ImageJ in eine Falschfarbe (GreenFireBlue) umgewandelt.

Tabelle 2.10: Einzelne Schritte der ProQ Diamond-Färbung.

Behandlung	Lösungen	Zeit
Fixieren	50% Methanol (v/v) 10% Essigsäure (v/v)	2-mal 30 Minuten oder über Nacht
Waschen	H_2O dest.	2-mal 15 Minuten
Färbung	33% ProQ DiamondPS in H_2O (v/v)	120 Minuten
Entfärben	50 mM Natriumacetat, pH 4.0 20% ACN (v/v)	4-mal 30 Minuten
Waschen	H_2O dest.	2-mal 5 Minuten

Coomassie-Färbung von Proteingelen

Die Färbung mittels kolloidalem Commassie erfolgte mit dem Novex® Colloidal Blue Staining Kit nach Herstellerangaben.

2.2.11 Identifizierung von Proteinen mittels Massenspektrometrie

Trypsin-Verdau in Lösung (*Shotgun*)

Die Proteinproben wurden mit Lösung A für eine Stunde reduziert und anschließend mit Lösung B abgedunkelt eine Stunde alkyliert (Tab. 2.11). Überschüssiges IAA wurde durch erneute Inkubation für eine Stunde mit Lösung A entfernt. Die Proben wurden mit Lösung C auf 0,6 M Harnstoff verdünnt. Trypsin (Promega, Mannheim) wurde in einem Enzym-Protein-Verhältnis von 1:50 zugegeben. Der Verdau erfolgte bei 37°C über Nacht.

Tabelle 2.11: Auflistung der für den Trypsin-Verdau verwendeten Lösungen.

Lösungen	Komponente
Lösung A	100 mM Tris HCl, pH 7,8 100 mM DTT
Lösung B	100 mM Tris HCl, pH 7,8 200 mM IAA
Lösung C	50 mM NH_4HCO_3

Entsalzung der tryptisch verdauten Proteine

Die Proben wurden nach dem Trypsin-Verdau durch eine PepClean™ C18-Säule (Thermo Fisher Scientific, Bonn) bei einer Probenmenge bis 30 µg und mit C18 Protea Spin Tips (Protea Biosciences, Morgantown, USA)) bis 1000 µg entsalzt. Alle Zentrifugationsschritte wurden bei 1500xg (Eppendorf Centrifuge 5415D) und RT für eine bzw. drei Minuten durchgeführt. Die aufgetragene Menge aller Lösungen betrug maximal 200 µL. Das Eluat wurde in einer Vakuum-Zentrifuge für 60 Minuten getrocknet (10 mbar, 37°C) und die Peptide entsprechend aufgenommen (Tab. 2.12).

Tabelle 2.12: Zusammenfassung C18-Entsalzungsschritte.

Behandlung	Lösungen	Schritte
Anfeuchten	50% Methanol (v/v)	2-mal
Equilibrieren	5% Acetonitril (v/v) 0,5% Trifluoressigsäure (v/v)	2-mal
Probenauftragung	Probe	2-mal
Waschen	5% Acetonitril (v/v) 0,5% Trifluoressigsäure (v/v)	3-mal
Elution	70% Acetonitril (v/v)	4-mal
Probenaufnahme	5% Acetonitril (v/v) 0,1% Trifluoressigsäure (v/v)	

Nano-LC-ESI-MS/MS

Trypsin-verdaute Probe wurden auf einer Vorsäule (2 cm, ID 100 µm, 5 µm, C18-A1 (5 µm, 120 Å, ReproSil-Pur C18-AQ)) aufkonzentriert und anschließend auf einer Trennsäule (10 cm, ID 75 µm, 3 µm, C18-A2 (3 µm, 120 Å, ReproSil-Pur C18-AQ)) getrennt (EASY-nLC). Als mobile Phase wurde ein Gemisch aus Lösungsmittel A (0,1% Ameisensäure in Wasser, (v/v))

und B (0,1% Ameisensäure in Acetonritril, (v/v)) mit einem Fluss von 300 nL/min verwendet. Die über einen Stahl-Emitter (40 mm, OD 1/32) dispergierte Peptidlösung wurde in der Nanospray-Quelle (Nanospray Flex Ion Source, Thermo Fisher Scientific) ionisiert und die gebildeten *Precursor*-Ionen zur Analyse dem Massenspektrometer (LTQ Orbitrap Velos/Velos Pro) zugeführt. Der *Full scan* erfolgte in der Orbitrap in einem Massenbereich von 400-1850 m/z. Die anschließende Fragmentierung mittels CID sowie Analyse der Fragment-Ionen erfolgte in der linearen Ionenfalle. Weitere Parameter für verschiedene Methoden können der Tabelle (Tab. 2.13) entnommen werden. Die *Instrument*- sowie *Tune-Method* für umfassendere Angaben befindet sich im Anhang (Liste C.1-C.8).

Tabelle 2.13: Übersicht der Parameter der LC-MS-Methoden.

Parameter	Methode 1 (PAPE)	Methode 2 (ZEIT)	Methode 3 (PP)
LC-Gradient	0-150 min 5-40% B	0-150 min 5-40% B	0-300 min 5-40% B
Auflösung		30000	
Max. Füllzeit FT		500 ms	
Lock mass		445,120024	
Anzahl *micro scans*		TOP20	
Max. Füllzeit IT		200 ms	
Min. Signal		1000	
Norm. Kollisionsenergie		35%	
Dynamic exclusion		*enabled*	

Die Methoden für die gezielte Analyse (Methode 4) entsprechen der der Methode 3. Die *Inclusion List* befindet sich im Anhang in der *Instrument Method* (Liste C.8).

Datenauswertung

RawMeat. Die Eignung der Messung für weitere Analyseschritte wurde mit RawMeat überprüft. Dabei wurde die *.raw-Datei eines Laufes geladen und Parameter wie Kontinuität des Elektrosprays, Verteilung der Top20-Ereignisse sowie Verteilung der Ladungszustände betrachtet. Messungen die bei der Prüfung besonders negativ aufgefallen sind, wurden nicht berücksichtigt.

Proteome Discoverer 1.3. Die weitere Prozessierung der *.raw-Dateien erfolgte über einen Workflow (Abb. 2.2) im Proteome Discoverer. Im *Spectrum Selector* sowie *Peptide Validator* wurden die *Default*-Parameter beibehalten. Bei der Mascot-Suche (*In-house* Mascot-Server Version 2.3/2.4) wurde der *Missed cleavage*-Wert auf 2 gesetzt und als Instrument ESI-FTICR mit einer *Precursor mass tolerance* von 7 ppm festgelegt. Alle Mascot-Suchen beinhalteten Carbamidomethylierung (C) als statische Modifikation. Die Suchen unterschieden sich in ihrer variablen Modifikation: Suche 1 - Oxidation (M); Suche 2 - Acetylierung (Protein N-term);

Suche 3 - Phosphorylierung (STY); Suche 4 - Deamidierung (NQ). Die Datenbank der Mascot-Suche basierte auf TAIR 10. Zur Überprüfung der Datenqualität wurde nur Suche 1 gewählt. Ansonsten wurde immer mit einer Kombination aus vier Suchparametern prozessiert.

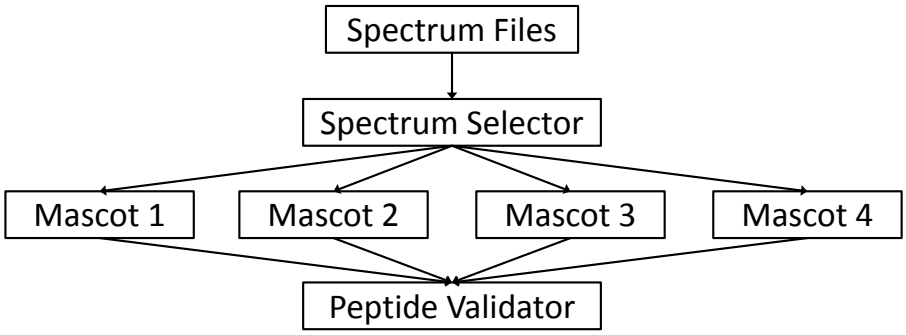


Abbildung 2.2: Prozessierungsschema für die Prozessierung der MS-Rohdaten. Im Reiter *Spectrum Files* können eine oder mehrere *.raw-Dateien hinzugefügt werden. Die Parameter im *Spectrum Selector* beeinflussen die Auswahl der Spektren, die zur Prozessierung herangezogen werden. Die Mascot-Suche ordnet den Spektren Peptide und somit Proteine zu, die anschließend im *Peptide Validator* nach ihrer Konfidenz bewertet werden.

Scaffold. Die vergleichende Analyse von verschiedenen Proben, insbesondere solche mit stark unterschiedlicher Zusammensetzung, erfolgte mittels Quantifizierung auf Basis des *Normalized spectrum counts* in der Scaffold-Software. Folgende Parameter wurden dem zu Grunde gelegt: *Minimum Peptide* - 2; *Peptide propability* - 95%; *Protein propability* - 95%.

Progenesis LC-MS. Stammten die zu analysierenden Proben von unterschiedlichen Behandlungen, wurden aber identisch prozessiert, so konnte eine vergleichende Analyse ebenfalls mit Progenesis LC-MS (Label-freie Quantifizierung) durchgeführt werden. Dabei wurden die *.raw-Dateien aller zu vergleichenden Proben importiert und nach Festlegung eines Referenzlaufes

Tabelle 2.14: Parameter der Mascot-Suche mit exportierten Progenesis-Daten.

Parameter	Einstellung
Enzym; *missed cleavages*	Trypsin; 2
Statische Modifikation	Carbamidomethylierung (C)
Variable Modifikation	Oxidation (M) Acetylierung (Protein N-term) Phosphorylierung (STY) Deamidierung (NQ) jeweils 1 separate Suche, die gemeinsam importiert wurden
Peptide tolerance	7 ppm
MS/MS tolerance	0,8 Da
Ladungszustände	+2, +3, +4
Gerät	ESI-FTICR

die Unterschiede in der Retentionszeit mittels Vektorisierung angepasst. Danach wurden *Features* entfernt, die nicht einen Ladungszustand von +2, +3, +4 aufwiesen bzw. außerhalb eines bestimmten Retentionszeitfensters lagen. Nach Auswahl des experimentellen Designs wurden Features mit einem ANOVA *p-value* $\leq$ 0,05 und *Max. fold change* $\geq$ 2 im Datensatz beibehalten. Die exportierten MS/MS-Spektren wurden mit dem *In-house* Mascot-Server (Datenbank TAIR 10) abgeglichen. Dabei wurden in folgender Tabelle (Tab. 2.14) aufgelistete Parameter gesetzt. Die importierten Daten wurden mit weiteren Parametern, bspw. dem Score, diskriminiert.
Ein Teil der erhaltenen massenspektrometrischen Daten wurde bereits bei PRIDE hinterlegt.

2.2.12 Identifizierung von Metaboliten mittels Massenspektrometrie

Extraktion der Metabolite

Blattmaterial wurde in flüssigem Stickstoff homogenisiert und in 2 mL Reagenzgefäße aliquotiert. 50 mg gemörsertes Blattmaterial wurde unter Stickstoff mit 200 µL Lösung 1 versetzt und zwei Minuten unter Schütteln aufgetaut (Tab. 2.15). Anschließend wurden die Proben für fünf Minuten stark geschüttelt, 10 Minuten im Ultraschallbad bei 20°C inkubiert und für 10 Minuten bei 16°C mit 11200xg zentrifugiert. Der Überstand wurde abgenommen und das Pellet erneut mit 200 µL Lösung 2 versetzt. Nach starkem Schütteln und Behandlung im Ultraschallbad bei 20°C für 10 Minuten wurde wie oben beschrieben zentrifugiert. Der zweite Überstand wurde mit dem ersten vereinigt und in der Vakuum-Zentrifuge bei 40°C bis zur Trockne eingedampft. Die Probe wurde in 150 µL Lösung 3 aufgenommen und im Ultraschallbad für 15 Minuten gelöst. Feste Bestandteile wurden abzentrifugiert. 80 µL wurden unverdünnt in ein Probengefäß pipettiert. 30 µL wurden mit 120 µL Lösung 3 verdünnt und abgefüllt.

Tabelle 2.15: Auflistung der für die Extraktion von Metaboliten verwendeten Lösungen.

Lösungen	Komponente
Lösung 1	80% Methanol (-80°C) (v/v) 1 µM Indol-3-acetyl-L-Valin, 2 µM Kinetin, 1 µM Anissäure
Lösung 2	80% Methanol (v/v)
Lösung 3	30% Methanol (v/v)

Massenspektrometrie

Die verdünnten sowie unverdünnten Proben wurden mit einem Acquity UPLC System (Waters) auf einer HSS T3 Säule (100 x 1,0 mm, Partikelgröße 1,8 µm; Waters) getrennt. Als mobile Pha-

se wurde ein Gemisch aus Eluent A (0,1% Ameisensäure in Wasser) und B (0,1% Ameisensäure in Acetonritril) mit einem Fluss von 150 µL/min verwendet. Dabei wurde folgender Gradient genutzt: 0-1 Min, isokratisch 95% A, 5% B; 1-16 Min, linear von 5% zu 95% B; 16-18 Min, isokratisch 95% B; 18-20 Min, isokratisch 5% B. Die eluierten Verbindungen wurden von m/z 100-1000 in einem MicroTOF-Q Hybrid-Quadrupol Flugzeit-Massenspektrometer (Bruker Daltonics) im positiven und negativen Ionenmodus detektiert. Das Gerät war mit einer Apollo II Elektrospray Ionenquelle ausgestattet. Genauere Instrumenteinstellungen sowie Kalibration sind in Böttcher *et al.*, 2009 zu finden. Zielverbindungen wurden relativ durch Integration der extrahierten Ionenchromatogramme quantifiziert. Die Qualität der Proben und Reproduzierbarkeit wurde durch relative Quantifizierung des internen Standards überprüft (Abb. A.8). Die Messung sowie Auswertung erfolgte in Kooperation mit Christoph Böttcher.

3 Ergebnisse

3.1 Entwicklung einer geeigneten Strategie zur Anreicherung von Phosphoproteinen

In den letzten Jahren fand eine rapide Entwicklung im Bereich der „Proteomics“ statt. Sowohl das Methoden- als auch das Analysenspektrum konnten deutlich erweitert werden, so dass heute bereits eine Vielzahl an Informationen zu Proteinen und deren Funktionsweise ergänzend zu vorhandenen „Genomics“-Daten zur Verfügung stehen.
Ein Teilgebiet der „Proteomics“ stellt die „Phosphoproteomics“ dar, die sich mit der Untersuchung einer der wichtigsten posttranslationalen Modifikation – der Phosphorylierung – beschäftigt. Da zu jeder Zeit in *Arabidopsis thaliana* ca. 10% aller Proteine phosphoryliert vorliegen und diese in einem Fließgleichgewicht liegen, ist die Analyse von Phosphoproteinen als große Herausforderung gekennzeichnet. Trotzdessen soll diese Herangehensweise genutzt werden, um die sich aus den Transformanten ergebende Fragestellung zu bearbeiten.
Bereits in vorangegangenen Arbeiten konnte gezeigt werden, dass mit der MOAC (Metalloxid-Affinitätschromatographie) ein einfaches und effektives Werkzeug zur Anreicherung von Phosphoproteinen zur Verfügung steht. Dabei stellte sich heraus, dass hoch-abundante Proteine wie bspw. RuBisCO (Ribulose-1,5-bisphosphat- carboxylase/oxygenase) einen entscheidenden Einfluss auf die Anreicherungseffizienz der MOAC ausüben. Die vorherige Reduktion der RuBisCO durch chemische Aussalzung mittels Ammoniumsulfat (35-60%) konnte die Anreicherung von Phosphoproteinen aus Blattmaterial deutlich verbessern. Somit konnten ähnlich gute Anreicherungseffekte wie in Zellkultur und Wurzelmaterial, die dieses hoch-abundante Protein nicht enthalten, erreicht werden (Lassowskat, 2008).

3.1.1 Fraktionierung der Proteinextrakte

Auf Grund der einfachen Methode die RuBisCO zu reduzieren wurden weitere Experimente mit der Aussalzung durch Ammoniumsulfat durchgeführt. Eine naheliegende Idee war die Fällung in definierten Prozentschritten. Dafür wurde Blattextrakt nacheinander geschaltet mit 20, 40, 60, 80 und 100% Ammoniumsulfat gefällt und die erhaltenen Pellets gewaschen und gelöst (siehe Kap. 2.2.5). Die Auftrennung der Proteine erfolgte durch 1D-SDS-PAGE (Abb. 3.1). Daran schloss sich die visuelle Analyse durch eine phosphospezifische, fluoreszierende Färbung (ProQ Diamond, Abb. 3.1A) und Färbung mit kolloidalem Coomassie (Abb. 3.1B) an.
Die phosphospezifische Färbung ließ deutlich erkennen, dass sowohl in der mit 20% als auch 40% gefällten Fraktion die Färbung der Proteine stärker sichtbar war. Im Vergleich waren in den weiteren Fraktionen nur minimale Färbungen erkennbar. Die Gegenüberstellung zum Totalextrakt zeigte ebenfalls den in der 20%- und 40%-Fraktion erhaltenen Anreicherungseffekt.

Die Coomassie-Färbung als Darstellung des gesamten aufgetragenen Proteins zeigte keine eklatanten Unterschiede in der Beladung. Die angefertigten technischen Replikate unterstützten diese Beobachtungen.
Insbesondere fiel auf, dass die Phosphoprotein-Färbung sich gleichmäßig über den gesamten Molekulargewichtsbereich verteilt. Bei den niedrigen bzw. hohen Salzkonzentrationen konnten nur einzelne Bereiche eine starke Färbung aufweisen. Analog dazu waren in der Gesamtpro-

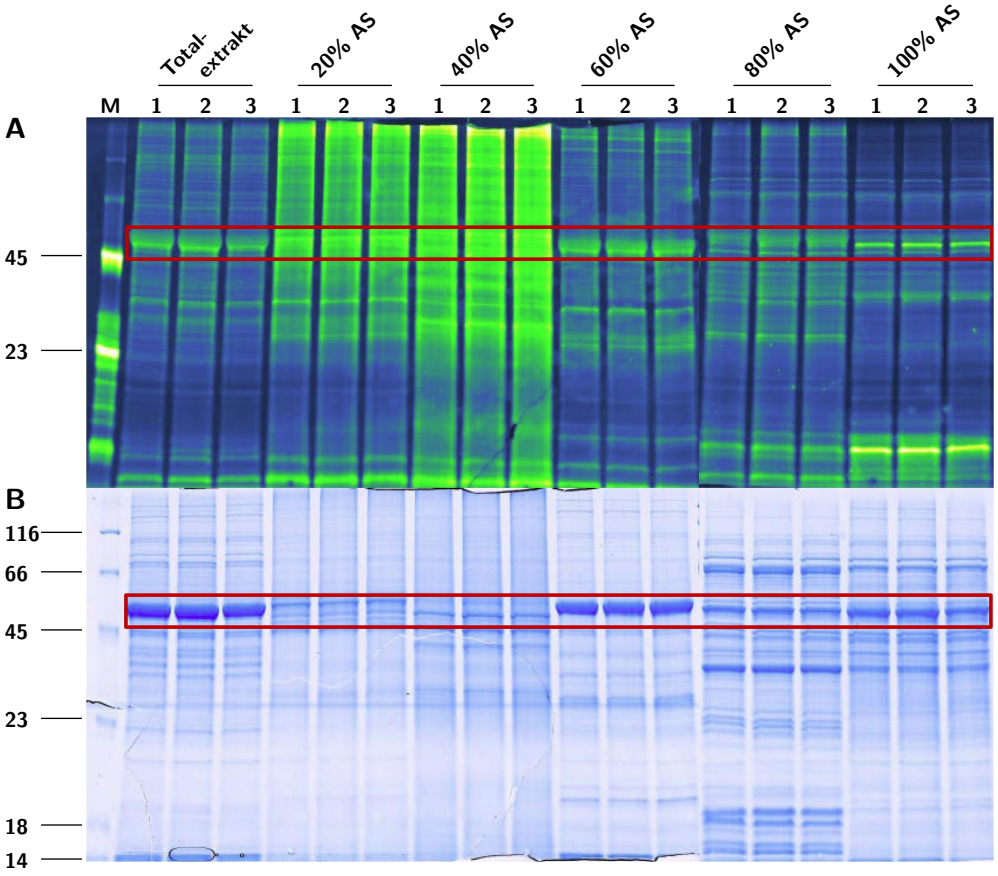


Abbildung 3.1: Fällung von Col-0 Totalextrakt in 20%-Ammoniumsulfat-Schritten. Von jeder Probe wurden 10 µg Protein auf einem 12,5%igen Gel aufgetrennt. Zu sehen sind die einzelnen Fraktionen (20/40/60/80/100% AS) im Vergleich zum Totalextrakt. Von jedem Fällungsschritt sowie dem Totalextrakt wurden je drei Replikate (1/2/3) angefertigt. Die Visualisierung der Phosphoproteine erfolgte mittels ProQ Diamond-Färbung in Falschfarbe (A) und der Gesamtproteine mittels kolloidalem Coomassie (B). Die rote Box umrahmt den Größenbereich, in dem RuBisCO zu erwarten war. Links ist der Größenstandard in kDa.

teinfärbung in diesen beiden Fraktionen (20%, 40%) ebenfalls nur wenige, distinkte Banden zu erkennen. Die fraktionierte Fällung in dem Bereich von 0 zu 40% brachte den weiteren Vorteil, dass das hoch abundante Protein RuBisCO (große Untereinheit) nur noch in geringen Mengen enthalten war (rote Box, Abb. 3.1). In der 60%-Fraktion sowie im Totalextrakt war die große Untereinheit der RuBisCO in einem Molekulargewichtsbereich von circa 50 kDa in beiden Färbungen deutlich zu erkennen. Die Fraktionierung mit 40% Ammoniumsulfat konnte dementsprechend als Methode zur Anreicherung von Phosphoproteinen betrachtet werden.

3.1.2 MOAC zur Phosphoprotein-Anreicherung

Auf Grundlage dieser Beobachtung war anzunehmen, dass bereits durch Vorfraktionierung mit 40% Ammoniumsulfat der Phosphoprotein-Gehalt vor der eigentlichen Phosphoprotein-Anreicherung signifikant gesteigert werden konnte und die MOAC diesen Effekt verstärken sollte. Dafür wurde ein Arbeitsschema (Abb. 3.2) festgelegt, das so in weiteren Arbeiten verwendet werden konnte.

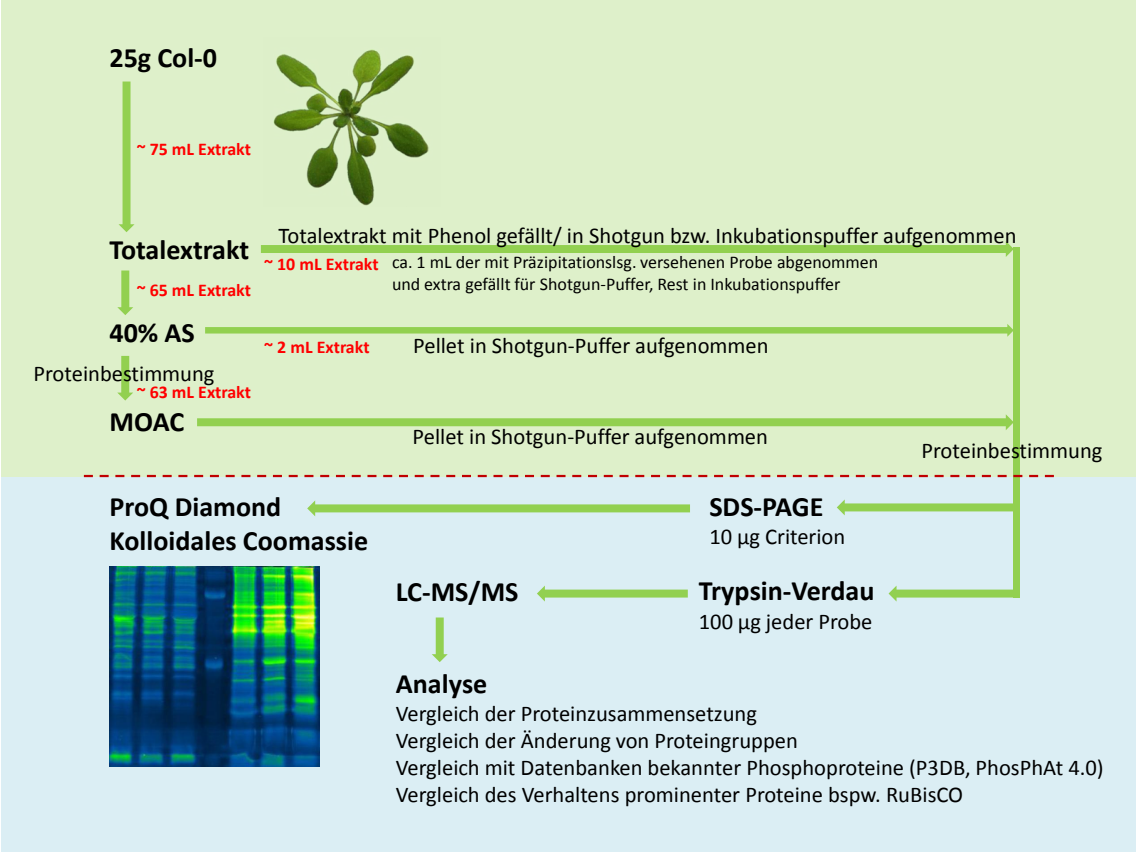


Abbildung 3.2: Arbeitsschema für vergleichende Analysen von Phosphoprotein-Anreicherungen. Die verschiedenen Fraktionen wurden aus dem gleichen Blattextrakt gewonnen, so dass keine Effekte durch unterschiedliche Handhabung auftreten konnten.

Dabei wurde aus 25 g Blattmaterial pro Replikat Proteinextrakt gewonnen und aufgeteilt für Ammoniumsulfat-Fällung und Phenolfällung genutzt. An entsprechender Stelle wurde nach jeder der beiden Fällungen ein weiteres Mal unterschieden zwischen Verwendungszweck als Probe in *Shotgun*-Puffer für anschließende Analysen und Probe in Inkubations-Puffer für MOAC. Aus der MOAC resultierende Proben wurden ebenso in *Shotgun*-Puffer aufgenommen. Jede der Vorgehensweisen wurde dreimal durchgeführt und die Replikate entsprechend auf einer 1D-SDS-PAGE nach phosphospezifischer Färbung sowie Coomassie-Färbung (Abb. 3.3) verglichen.

Dabei konnten die bisherigen Beobachtungen bestätigt werden. Die Ausfällung mit 40% Ammoniumsulfat führte zu einer signifikanten Akkumulation von Phosphoproteinen. Die Phosphoprotein-Färbung erscheint ebenfalls intensiver als jene aus Totalextrakt. Des Weiteren war erkennbar, dass eine nach der Fällung angeschlossene MOAC den Gehalt deutlich steigern konnte. Die Ähnlichkeit der Bandenstruktur sowohl in der phosphospezifischen als auch Coomassie-Färbung deutete eine hohe Reproduzierbarkeit an (Abb. 3.3 1/2/3), die beispielsweise in dem MOAC-angereicherten Totalextrakt nicht erreicht werden konnte.
Die Coomassie-Färbung zeigte eine unterschiedliche Proteinzusammensetzung zwischen den Fraktionen wobei sich der jeweilige Extraktionsschritt mit und ohne MOAC am ähnlichsten waren. Die distinkte RuBisCO-Bande (große Untereinheit) konnte in den vorfraktionierten Extrakten (40% AS, 40% AS+MOAC) nicht beobachtet werden. In der massenspektrometrischen Analyse konnte gezeigt werden, dass sowohl die kleine als auch große Untereinheit der

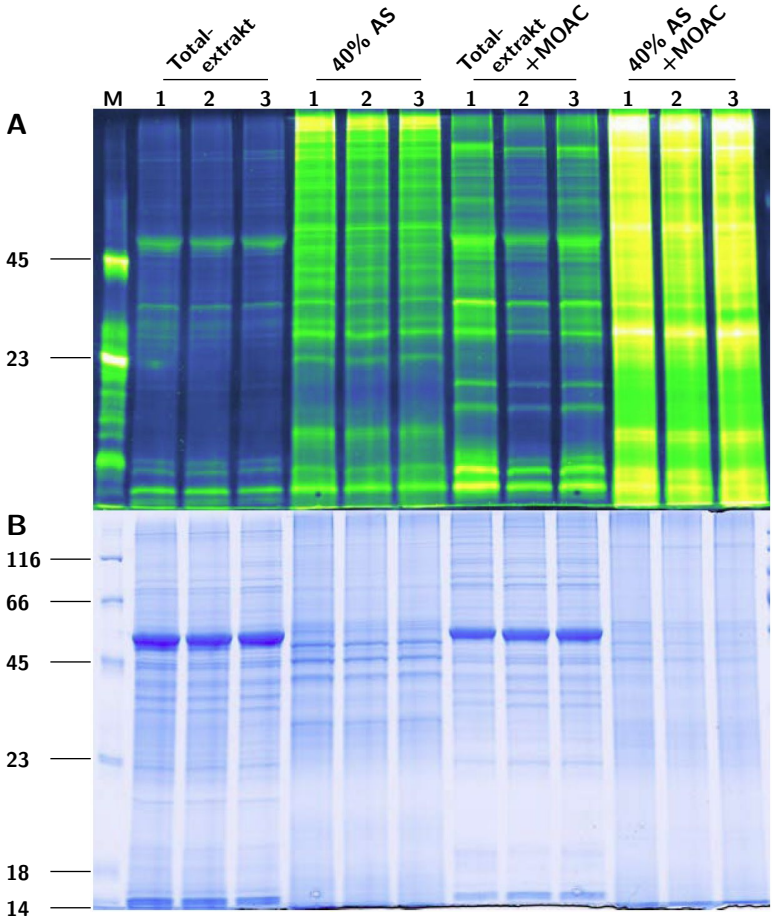


Abbildung 3.3: Vergleich der MOAC aus Totalextrakt und der 40% AS-Fraktion. Von jeder Probe wurden 10 µg Protein auf einem 12,5%igen Gel aufgetrennt. Zu erkennen sind Totalextrakt, 40% AS-Fraktion (40% AS), Totalextrakt mit anschließender MOAC sowie die 40% AS-Fraktion mit MOAC (40% AS+MOAC), von denen je drei technische Replikate (1/2/3) durchgeführt wurden. Die Visualisierung der Phosphoproteine erfolgte mittels ProQ Diamond-Färbung in Falschfarbe (A) und der Gesamtproteine mittels kolloidalem Coomassie (B). Links ist der Größenstandard in kDa.

RuBisCO um mehr als 50% reduziert werden konnte (Abb. A.1 A). Die kombinierte Methode (40% AS+MOAC) zeigte sowohl in der phosphospezifischen als auch Coomassie-Färbung keine prominenten Banden, dafür eine Verteilung über alle Molekulargewichte. Diese visuelle, Gel-basierte Analyse stellte einen erfolgreichen Schritt in Richtung einer verbesserten Phosphoprotein-Anreicherung dar und sollte weitergehend bestätigt werden.

3.1.3 Nachweis der Reproduzierbarkeit der kombinierten Methode (–) PAPE

Die Kombination aus Vorfraktionierung mittels Ammoniumsulfat und Phosphoprotein-Anreicherung mittels MOAC wurde im Weiteren als PAPE - *Prefractionation-assisted phosphoprotein enrichment* - definiert. Die in den bisherigen Gelen gezeigte Reproduzierbarkeit sollte nicht nur auf visueller Ebene stattfinden, sondern ebenso mit statistischen Mitteln validiert werden.

Proteinmengen

Von allen Proben wurde die genaue Proteinkonzentration bestimmt und mit der Menge des Lösungsmittels zur enthaltenen Proteinmenge hochgerechnet. Diese wurden vergleichend gegenübergestellt.
Parallel zur beobachteten Erhöhung des Phosphoprotein-Gehalts konnte gleichermaßen eine Verminderung der Menge an Totalprotein festgestellt werden (Abb. 3.4). Nur ca. 15% der

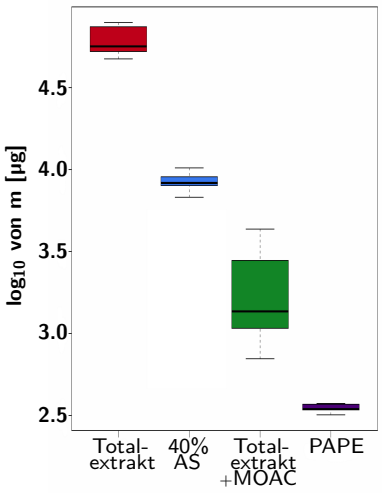


Abbildung 3.4: Reproduzierbarkeit der Proteinmengen nach den verschiedenen Vorgehensweisen ausgehend von einer gleichen Menge an Pflanzenmaterial. Zu sehen sind in rot Totalextrakt, in blau Extrakt nach 40% Ammoniumsulfat-Fällung, in grün Totalextrakt kombiniert mit MOAC und in lila die Ammoniumsulfat-Fällung mit anschließender MOAC. Der Boxplot wurde aus den $\log_{10}$-Werten der erhaltenen Proteinmengen (m) aus sechs Replikaten berechnet.

gesamten Proteinmenge fielen bei einer Konzentration von 40% Ammoniumsulfat aus. Die größte Diskriminierung wurde allerdings durch MOAC erhalten. Hier konnten Proteinmengen von 1-2% beobachtet werden. Ebenfalls gezeigt wurde, dass die einzelnen Fällungs- bzw. Anreicherungsschritte, außer der durch MOAC-angereicherte Totalextrakt, reproduzierbare Proteinmengen ergaben. Hier war die Standardabweichung ausgeprägt hoch. Aus PAPE resultierten zwar geringe Proteinmengen gemessen an der Ausgangsmenge des Blattmaterials, aber die Vorfraktionierung beeinflusst positiv die Reproduzierbarkeit der Proteinmenge nach MOAC.

Massenspektrometrischer Nachweis der Reproduzierbarkeit

Um die Aussagekraft der Gel-basierten Erkenntnisse zu stützen, wurden von allen Prozeduren und Replikaten massenspektrometrische Analysen mit Daten-abhängiger LC-MS durchgeführt. Dabei wurden je zweimal zwei µg Peptid mittels *Shotgun*-Messungen untersucht. Die Proben wurden über einen Gradienten von 150 Minuten getrennt und anschließend mit den in Tab. 2.13 gelisteten Parametern gemessen. Dies führte zur Identifikation von 850, 1024, 1151 und 803 Proteinen aus dem Totalextrakt, der 40% AS-Fraktion und gleichermaßen deren korrespondierenden MOAC-behandelten Proben. Diese umfassten eine Gesamtanzahl von 1928 einzigartigen Proteinen. Die Verteilung der Proteine in den Prozeduren ist in Abb. 3.5 illustriert. Die Identifikationen der Proteine sind in Tab. B.1 aufgelistet.
Hierbei konnte zunächst gezeigt werden, dass sich die einzelnen Fraktionen in ihrer allgemeinen

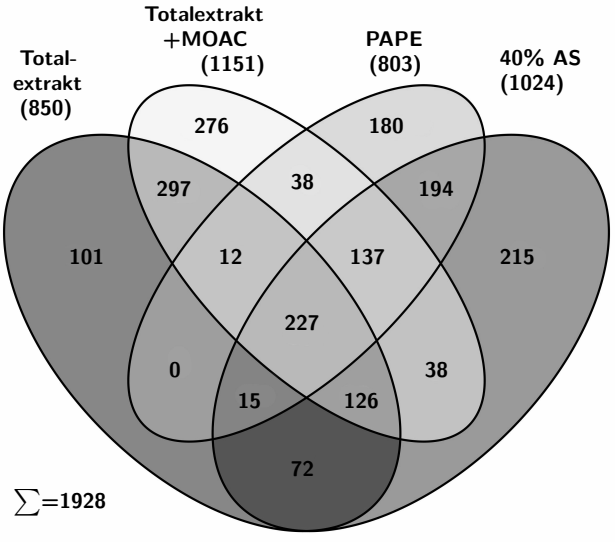


Abbildung 3.5: Unterschiede in der Proteinzusammensetzung der Fraktionen. Das vierfach Venn-Diagramm spiegelte den Überlapp an Proteinen in den verschiedenen Fraktionen wider. Die Anzahl an Proteinen stammt aus der Summe der technischen Replikate sowie der zwei Messungen pro Replikat. Die Beschriftung erfolgte analog zu den 1D-PAGE Bildern (Abb. 3.3).

Proteinzusammensetzung sehr stark unterschieden (Abb. 3.5). Bei einer Anzahl von circa 2000 Proteinen über alle Messungen waren nur 227 Proteine allen Fraktionen gemein. Der Überlapp des Totalextraktes mit der 40% AS-Fraktion betrug etwa 50%. Die Schnittmenge des Totalextraktes mit dessen MOAC-Phosphoproteinanreicherung war viermal größer als die Anzahl der identifizierten Proteine im Totalextrakt selbst. Das Verhältnis des MOAC-angereicherten Totalextrakts und 40% AS war das Gleiche wie zwischen Totalextrakt und 40% AS-Fraktion, da es sich bei beiden um verschiedene Teilmengen des Totalproteins handelt. Der Vergleich der PAPE mit der 40% AS-Fraktion zeigte etwas mehr als 50% identische Proteine und eine ähnliche Anzahl einmalig in der PAPE-auftretender Proteine.
Die Diversität der verschiedenen Fraktionen konnte ebenfalls in der $\log_{10}$- und PCA-Auftragung (Abb. 3.6) beobachtet werden, die mit DanteR berechnet wurden (DanteR, 2013). In dem

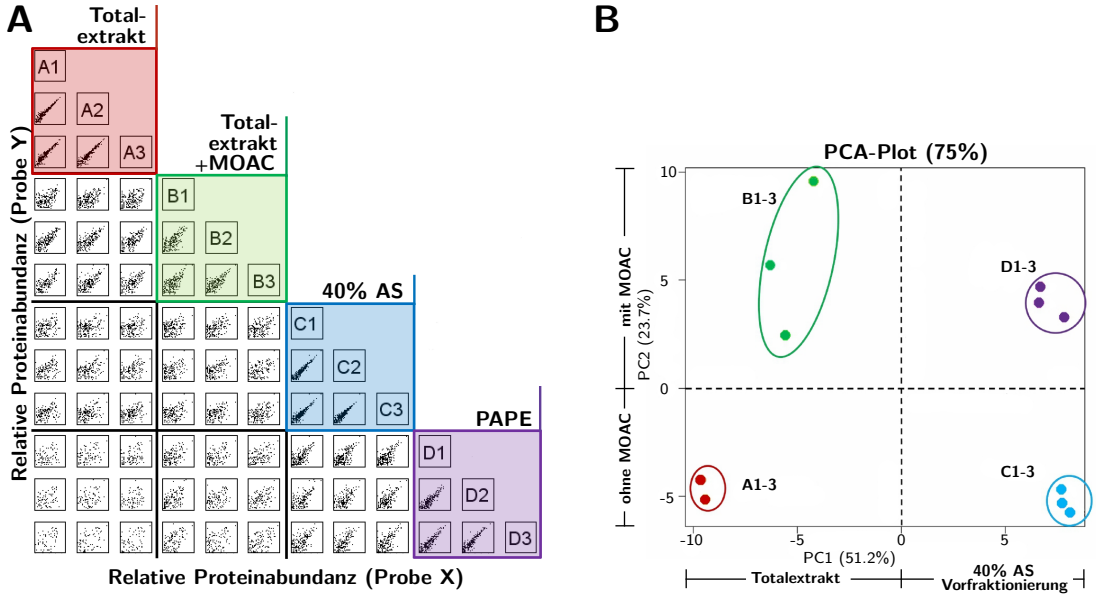


Abbildung 3.6: Variabilität und Reproduzierbarkeit der in Abbildung 3.3 beschriebenen Fraktionen nach massenspektrometrischer Analyse. A. Vergleich mittels $\log_{10}$-Graph. Die Buchstaben (A/B/C/D) stehen für Totalextrakt, Totalextrakt+MOAC, 40% AS und PAPE. Die Zahlen (1/2/3) repräsentieren die technischen Replikate. Die farbigen Boxen markieren den Vergleich innerhalb einer Prozedur. **B.** Vergleich mittels PCA-Graph. Die gestrichelte Linie trennt die Vorfraktionierungs- und Phosphoprotein-Anreicherungssektoren. Jeder Kreis umfasst die drei biologischen Replikate einer Fraktion. Die Farbe sowie Beschriftung stimmen mit Abb. 3.6 A und 3.4 überein.

PCA-Graph gruppierten sich alle Fraktionen in anderen Bereichen ein. Dies wurde durch die starke Streuung bzw. Abweichung von einer Diagonalen in der $\log_{10}$-Darstellung unterstrichen. Am meisten unterschieden sich dabei die Proteine des Totalextrakts von denen aus PAPE. Außer in den Replikaten waren im Bezug auf die Streuung sich die ursprünglichen Fraktionen (Totalextrakt, 40% AS) mit deren Kombination mit MOAC am ähnlichsten. Die farblich markierten Boxen repräsentieren die Replikate innerhalb einer Fraktion. Dabei fiel auf, dass bis auf das MOAC-angereicherte Totalextrakt alle Fraktionen reproduzierbar erstellt werden

konnten. Bei letzt genannter Fraktion war die Streuung sehr hoch. Diese konnte durch die weit auseinander liegende Verteilung der Replikate im PCA-Graph ebenfalls bewiesen werden. MOAC als eigenständige Anreicherung verursachte also eine hohe Diversität der Replikate, die durch Vorfraktionierung minimiert werden konnte.

3.1.4 Massenspektrometrisch-basierte Analyse des Phosphoprotein-Gehalts

Die PAPE wurde konzipiert, um Phosphoproteine zu präzipitieren und anzureichern. Um die Daten der phosphospezifischen Färbung (ProQ Diamond) zu unterstützen, wurde bestimmt, ob es in den Fraktionierungsschritten tatsächlich eine Zunahme der Anzahl an bekannten Phosphoproteinen gab. Für den Vergleich wurde P3DB genutzt, eine Phosphoprotein-Datenbank, die ausschließlich experimentell verifizierte Einträge mit hoher Qualität enthält. Dabei konnten sowohl in der 40% AS-Fraktion als auch die fraktionierten und nicht-fraktionierten Proben nach MOAC ein signifikant höherer Anteil an bekannten Phosphoproteinen identifiziert werden (Abb. 3.7 A). Wird der Anteil der bekannten, identifizierten Phosphoproteine ins Verhältnis zu allen identifizierten Proteinen gesetzt, zeigte sich ein ähnliches Bild. Die PAPE-Fraktion hatte proportional mehr bekannte Phosphoproteine als das MOAC-angereicherte Totalextrakt (36% und entsprechend 23%). Ebenfalls konnten in den drei letzt genannten Fraktionen mehr

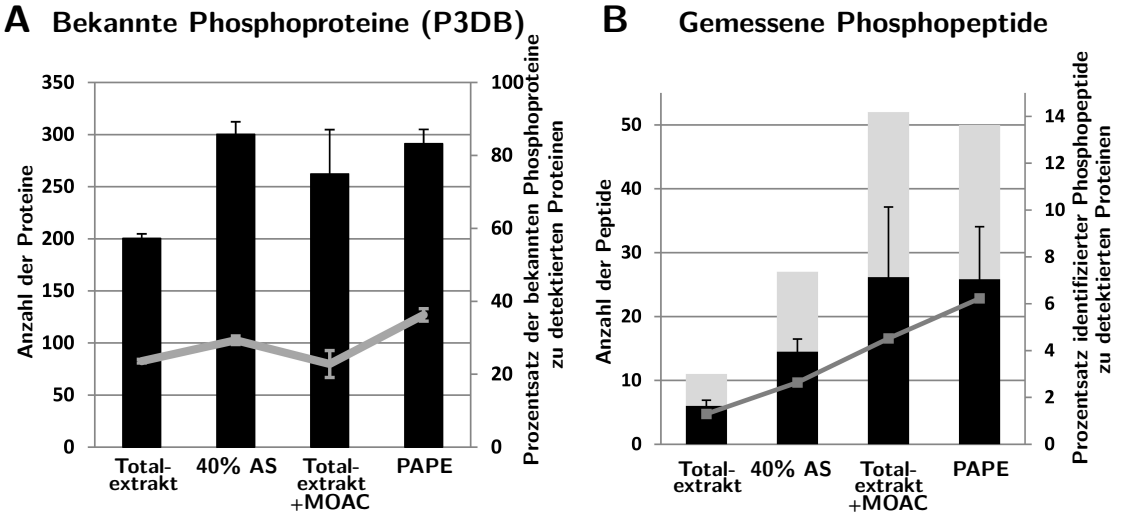


Abbildung 3.7: Änderungen in der Zusammensetzung der Phosphoproteine/-peptide. A. Anzahl der identifzierten Proteine in den verschiedenen Fraktionen, die bereits als bekannte Phosphoproteine in der P3DB Datenbank annotiert sind. Schwarze Balken sind Mittelwerte und Standardabweichung aus 6 Replikaten. Die graue Linie repräsentiert den Anteil der detektierten, bekannten Phosphoproteine an allen identifizierten Proteinen. **B.** Anzahl der identifizierten Phosphopetide in den einzelnen Fraktionen (q-*value*$<$0,05, pRS score$>$30). Jedes Experiment wurde dreimal wiederholt und zweimal gemessen. Schwarze Balken beschreiben die durchschnittliche Anzahl an Phosphopeptiden (nicht identisch, +/- Standardabweichung), die in jedem Replikat detektiert wurden. Graue Balken zeigen die Gesamtanzahl an einzigartigen Phosphopeptiden, die in allen Replikaten identifiziert wurden. Die graue Linie repräsentiert den Anteil der detektierten Phosphopeptide an allen identifizierten Proteinen.

Phosphopeptide, auch ohne eine spezielle Massenspektrometrie-Technik für Phosphopeptide, im Vergleich zum Totalextrakt nachgewiesen werden (Abb. 3.7 B). Der Anteil an allen identifizierten Proteinen unterschied sich hier zwischen dem MOAC-angereicherten Totalextrakt und PAPE (4,5% und entsprechend 6,2%). Einige in der PAPE-Fraktion identifizierte Phosphoproteine sind bisher weder in der P3DB- noch in der PhosPhAt 3.0-Datenbank bekannt bzw. konnten neue Phosphopeptide in bereits bekannten Phosphoproteinen gezeigt werden. Die Tabelle 3.1 listet alle Phosphopeptide mit einem *q-value*<0,05 und einem *pRS score* von mindestens 30 auf. Eine längere Liste an Phosphopeptiden ohne *pRS score*-Einschränkung findet sich im Anhang (Tab. B.2). Tabelle B.3 verknüpft außerdem die Phosphopeptide mit weiteren identifizierten Peptiden des Proteins.
Niedrig-abundante Signalproteine wie bspw. die MAPKs MPK4 und MPK6 konnten ausschließlich in der 40% AS-Fraktion sowie in der PAPE gefunden werden (Abb. A.2). Die Sequenzabdeckung war ebenfalls höher. Leider konnten für beide keine Phosphopeptide mit Sicherheit nachgewiesen werden. Für MPK4 wurde in der PAPE-Fraktion ein Phosphopeptid (KYVPPLRPIGRGAYGIVCAATNSETGEEVAIK) mit schlechtem *q-value* (0,674995) und niedrigem *pRS score* (5) gefunden. Für identifizierte Phosphoproteine konnte gezeigt werden, dass ein schrittweiser Anstieg in der Anzahl der detektierten Phosphopeptide vom Totalextrakt zur PAPE bestand. Ein Beispiel ist RD29A (*desiccation-responsive protein 29*; *low-temperature-responsive protein 78*, At5G52310), wobei es sich vermutlich um ein abundanteres Phosphoprotein handelt. Des Weiteren zeigten die in der PAPE identifizierten Proteine in der GO Annotation eine positive Verschiebung in Richtung von Proteinen, die in abiotischen bzw. biotischen Stress involviert sind (Abb. A.3).
Wurden die detektierten Phosphoproteine innerhalb der Fraktionen verglichen, konnten keine signifikanten Gemeinsamkeiten bestimmt werden (Abb. A.4). Die meisten Proteine konnten nur in einer der Fraktionen nachgewiesen werden. Respektive 6, 1, 24 und 27 waren den Fraktionen eigen. Das waren 58 der insgesamt 87 Proteine.
PAPE erfüllt nicht nur die Anforderung der verbesserten Anreicherung von Phosphoproteinen, sondern auch die Herausforderung eine reproduzierbare Methode darzustellen. Die Etablierung dieser Phosphoproteom-Plattform legte den Grundstein, um ein Pflanzensystem von Interesse zu studieren.

Tabelle 3.1: Unbekannte Phosphopeptide aus allen Fraktionen (*q-value*<0,05, *pRS score*>30). Die Daten wurden mit PD 1.3 (phosphoRS 1.0) erstellt. Peptide mit Sternchen stammen von unbekannten Phosphoproteinen. Alle anderen Peptide stammen von Phosphoproteinen, wurden aber bisher selbst nicht als phosphoryliert beschrieben (P3DB, PhosPhAt 3.0). PEP, *posterior error probability*; PSM, *peptide spectral match*.

	Nr.	Proteincode	Proteinbeschreibung	Sequenz	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities
Totalextrakt	1	AT1G14010.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	SSIVLLILSILSPVTLSIR*	2184.20708	0.016281	0.3789499	58	11	S(1): 15.3; S(2): 15.3; S(9): 84.3; S(12): 84.6; T(15): 0.5; S(17): 0.0
	2	AT2G40840.1	disproportionating enzyme 2	VEKPLGVFMNKSDQDDSVVVQFK	2689.27768	0.021343	0.6031149	33	1	S(12): 0.4; S(17): 99.6
	3	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	SNGHVYVDEIPPGLPRLHTPSEGRASVHGASSIR	3832.73672	0.022388	0.6381906	32	2	S(1): 33.1; Y(6): 33.1; T(19): 33.1; S(21): 4.1; S(26): 95.3; S(31): 50.7; S(32): 50.7
	4	AT4G38740.1; AT2G21130.1	rotamase CYP 1 / Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	2873.30117	0.027543	0.4591594	37	3	T(2): 0.7; S(8): 95.1; T(16): 2.0; S(19): 2.0; T(25): 0.1
	5	AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	ATSGTYVTEVPLKGSAEK*	1917.91213	0.032722	0.4923883	48	4	T(2): 24.5; S(3): 24.5; T(5): 24.5; Y(6): 24.5; T(8): 1.9; S(15): 0.0
	6	AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	QFTGQSLAFGKVIKQIK	1973.05167	0.047422	0.6522376	35	12	T(3): 86.5; S(6): 13.5
40% AS	1	AT5G56740.1	histone acetyltransferase of the GNAT family 2	LSQILVLPSFQGK	1509.80133	0.011279	0.2471017	30	4	S(2): 0.4; S(9): 99.6
	2	AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	NAALATTTATTPVLRR	1736.90842	0.015443	0.4098554	40	1	T(6): 12.5; T(7): 12.5; T(8): 59.5; T(10): 12.5; T(11): 3.0
	3	AT5G52790.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	LLDLLLGKRHSTLLGR*	1885.07854	0.023892	0.3993647	51	11	S(11): 1.7; T(12): 98.3
	4	AT4G28000.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	HTRNLAPGSK	1160.55168	0.03559	0.754117	50	3	T(2): 0.0; S(9): 100.0
	5	AT1G72150.1	PATELLIN 1	SSFVFVSDFRNAPGLGKR	2064.01040	0.039425	0.6264254	39	1	S(1): 1.0; S(2): 1.0; S(7): 98.0
	6	AT2G04842.1	threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR*	3067.42545	0.041246	0.6307821	38	1	S(1): 100.0; T(9): 100.0; T(25): 100.0
	7	AT3G22760.1	Tesmin/TSO1-like CXC domain-containing protein	VIRNSDSIIEVGEDASK*	1911.89481	0.042639	0.8216446	52	1	S(5): 0.0; S(7): 0.1; S(16): 99.9
	8	AT3G16950.1; AT4G16155.1	lipoamide dehydrogenase 1 / dihydrolipoyl dehydrogenases	DIIIATGSVPFVPK	1536.80143	0.043742	0.5158506	38	2	T(6): 12.3; S(8): 87.7

	Nr.	Proteincode	Proteinbeschreibung	Sequenz	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities
Totalextrakt+MOAC	1	AT1G56220.4	Dormancy/auxin associated family protein	HHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR*	2354.98525	0	7.2906E-05	36	16	T(3): 13.7; S(5): 57.9; S(9): 13.7; S(10): 13.7; S(15): 1.1; S(19): 0.1
	2	AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	HSEENQSPHHHANNVMEQDQAAEER	3004.19179	0	0.00011139	60	9	S(2): 97.1; S(7): 2.9
	3	AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78)	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	3342.38857	0	2.1345E-05	36	16	T(4): 96.1; T(11): 3.8; T(27): 0.0
	4	AT5G55160.1	small ubiquitin-like modifier 2	SATPEEDKKPDQGAHINLK*	2237.97500	0.000487	0.00798287	31	2	S(1): 100.0; T(3): 100.0
	5	AT2G24270.2	aldehyde dehydrogenase 11A3	AGTGLFAEILDGEVYK*	1762.82077	0.000503	0.0115286	38	3	T(3): 100.0; Y(15): 0.0
	6	AT1G45207.2	Remorin family protein	GWSSERVPLR	1266.59882	0.00075	0.01489954	38	24	S(3): 50.0; S(4): 50.0
	7	AT1G01100.1; AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	2836.31522	0.000976	0.01672018	48	4	S(1): 25.0; T(2): 25.0; S(9): 25.0; Y(10): 25.0; T(23): 0.0
	8	AT4G12420.1	Cupredoxin superfamily protein	RPLTGPAKVATSIINGTYR	2175.06754	0.002939	0.08369295	36	3	T(4): 99.1; T(11): 7.4; S(12): 91.8; T(17): 0.9; Y(18): 0.9
	9	AT1G74920.1; AT3G48170.1	aldehyde dehydrogenase 10A8 / 9	SPLIVFDDVDLDK	1555.73259	0.009502	0.2584146	70	2	S(1): 100.0
	10	AT3G28710.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	AVNITINSIGTELTR*	1681.86216	0.015828	0.3155473	37	30	T(5): 0.0; S(8): 77.3; T(11): 11.3; T(14): 11.3
	11	AT1G73610.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	SYETIAPQIIENIKAK*	1977.93410	0.017056	0.3870838	30	18	S(1): 50.3; Y(2): 50.3; T(4): 99.3
	12	AT2G41110.1	calmodulin 2	ADQLTDDQISEFK	1589.66288	0.019757	0.513722	50	5	T(5): 100.0; S(10): 0.0
	13	AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	QFTGQSLAFGKVIKQIK	1973.05405	0.02041	0.4607051	40	7	T(3): 50.0; S(6): 50.0
	14	AT2G22400.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	EIRKNQTLER	1366.68921	0.02499	0.5231273	38	1	T(7): 100.0
	15	AT4G30630.1	unknown protein	LSESGGLEVPRKPSGERK*	2006.01230	0.031388	0.6183366	32	1	S(2): 0.1; S(4): 0.2; S(14): 99.7
	16	AT5G64090.1	unknown protein	ASHDLNPQAILATR	1586.76555	0.035	0.6582299	57	1	S(2): 0.0; T(13): 100.0
	17	AT1G80380.3	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	GNAGSHDLKLSVETLEALSKLTK*	2491.28416	0.043032	0.7887968	36	1	S(5): 0.2; S(11): 0.1; T(14): 0.2; S(19): 9.4; T(22): 90.1

	Nr.	Proteincode	Proteinbeschreibung	Sequenz	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities
40% AS + MOAC (PAPE)	1	AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78)	SHELDLKNESDIDKDVPTGF DGEPDFLAK	3311.49355	0	0.0027675	58	8	S(1): 0.6; S(10): 98.8; T(18): 0.6
	2	AT1G01320.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	STQPSSGNAKTAGETSEEDG LKTDASSVEPPTLSSTVQSEA YHTK*	4690.11245	0.000811	0.04504684	41	10	S(1): 2.7; T(2): 2.7; S(5): 2.7; S(6): 2.7; T(11): 2.7; T(15): 17.1; S(16): 17.1; T(23): 17.1; S(26): 17.1; S(27): 17.1; T(32): 0.5; S(34): 0.1; S(35): 0.1; T(36): 0.1; S(39): 0.0; Y(42): 0.0; T(44): 0.0
	3	AT3G11130.1; AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	EYSGKVDELIK*	1360.63437	0.000811	0.04561926	49	6	Y(2): 99.7; S(3): 0.3
	4	ATMG00285.1	NADH dehydrogenase 2A	KSEFSTEAGSK*	1250.52198	0.001809	0.09635145	66	3	S(2): 0.0; S(5): 9.0; T(6): 91.0; S(10): 0.0
	5	AT1G20620.1	catalase 3	MDPYKYRPSSAYNAPFYTTN GGAPVSNNISSLTIGER	4118.89516	0.002241	0.04873965	47	14	Y(4): 2.0; Y(6): 2.0; S(9): 15.6; S(10): 15.6; Y(12): 15.6; Y(17): 15.6; T(18): 15.6; T(19): 15.6; S(26): 2.0; S(30): 0.3; S(31): 0.1; T(33): 0.0
	6	AT3G18780.2	actin 2	AEADDIQPIVCDNGTGMVK AGFAGDDAPR*	3070.31753	0.00444	0.09388046	45	2	T(15): 100.0
	7	AT5G09810.1; AT2G37620.1	actin 1 / 7	ADGEDIQPLVCDNGTGMVK AGFAGDDAPR*	3056.32534	0.005154	0.1148702	36	5	T(15): 100.0
	8	AT5G56180.1	actin-related protein 8	TVVLTGGSACLPGLSER*	1796.85564	0.005762	0.1187534	68	2	T(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 0.1; S(15): 99.8
	9	AT1G49240.1	actin 8	ADADDIQPIVCDNGTGMVK AGFAGDDAPR*	3056.32534	0.008319	0.1784335	36	3	T(15): 100.0
	10	AT3G02830.1	zinc finger protein 1	NKAGIAGRVSLNMLGYPLR	2110.10227	0.016331	0.3097203	47	1	S(10): 100.0; Y(16): 0.0
	11	AT1G64790.1	ILITYHIA	SPIVSAAAFENLVK	1525.75934	0.017784	0.3293382	48	5	S(1): 10.3; S(5): 89.7
	12	AT4G38770.1	proline-rich protein 4	KEVPPPVPVYKPPPK*	1751.95328	0.026158	0.4063287	34	1	Y(10): 100.0
	13	AT4G31120.2	SHK1 binding protein 1	DVHLGIEPTTATPNMFSW*	2095.92093	0.031227	0.430492	31	1	T(9): 0.5; T(10): 0.5; T(12): 1.4; S(17): 97.6
	14	AT5G16330.1	NC domain-containing protein-related	RGTCTIAPSDPCDEVISR*	2193.86269	0.039343	0.684857	64	3	T(3): 5.3; T(5): 0.4; S(9): 94.3; S(17): 100.0

3.2 Phosphorylierung von MAPKs durch ein induzierbares System

Um genaue Daten über Zielproteine von MAPKs und damit ein besseres Verständnis der Pathogenabwehr in Pflanzen zu erhalten, musste zunächst ein Pflanzensystem etabliert werden. Für dieses Projekt wurde in Wildtyp Col-0 von *Arabidopsis thaliana* Pflanzen eine MAP2K aus *Petroselinum crispum* transformiert (siehe Kap. 2.2.3). Diese sogenannte MKK5 liegt entweder konstitutiv aktiv (DD-Konstrukt, DD – Austausch Thr221/Ser226 gegen Asp) oder inaktiv (KR-Konstrukt, KR – Austausch Lys95 gegen Arg) vor (Col-0 DD, Col-0 KR). Durch einfaches Sprühen mit DEX (Dexamethason) kann die Expression dieses Proteins induziert werden, was das Ernten großer Blattmengen von auf Erde-angezogenen Pflanzen erlaubt. Pflanzen mit dem KR-Konstrukt dienen als Kontrollpflanzen und werden ebenfalls mit DEX besprüht, um Effekte dieses Hormons auszuschließen. Dieses System erlaubt eine exklusive Aktivierung von MPK3 und MPK6 durch Phosphorylierung. Die Aktivierung von MPK4/11 und Ereignisse *upstream* von MPK3/6, die nach PAMP-Perzeption auftreten, werden hier vermieden. *mpk3*- und *mpk6*-Mutanten wurden mit dem DD-Konstrukt transformiert (*mpk3* DD, *mpk6* DD), um den beiden MAPK-Substrate spezifisch zuzuordnen. Die Analyse weiterer Mutanten mit DD-Konstrukt (*ein2* DD, *ein3/eil1* DD, *rbohD* DD, *rbohF* DD) sollte indirekte Substrate aufzeigen, die erst durch Veränderungen in der Ethylen- bzw- ROS-Konzentration (*reactive oxygen species*) auftreten.

3.2.1 Generation geeigneter Transformanten

F1-Generation

Agrobacterium-vermittelte Transformation (Kap. 2.2.3) der Vektoren erlaubte die Selektion auf Hygromycin-enthaltendem Medium und anschließend die Überprüfung auf Transformanten per Standard-PCR. Hierfür wurden drei verschiedene Primer-Paare verwendet (Tab. 2.4): eines bindet in der Gensequenz für das *MKK5*-transgene Konstrukt, eines in der Hygromycin-Kassette und eines in *EF1*α als DNA-Kontrolle.
Positive Transformanten sollten auf Hygromycin-enthaltendem Medium ein verlängertes Hypokotyl aufweisen. Für alle Mutanten mit DD- sowie KR-Konstrukt konnten mehrere Keimlinge mit verlängertem Hypokotyl (ca. 1,5 cm) festgestellt werden (Abb. 3.8). Trotz Selektion auf Hygromycin-Medium können falsch-positive Transformanten wachsen. Mit der Standard-PCR sollten positive Transformanten von diesen getrennt werden (Abb. 3.9). Als Positiv-Kontrolle diente bereits vorhandenes Pflanzenmaterial einer Wildtyp-Transformante (KR) und als Negativ-Kontrolle der Wildtyp Col-0. Bei einigen der Transformanten, die nach Hygromycin-Selektion positiv waren, konnte ein Transkript in der korrekten Größe nachgewiesen werden. Des Weiteren wurden die in der PCR als positiv getesteten Pflanzen nach DEX-Induktion

per Western Blot mit anti-cMyc-Antikörper auf MKK5-Protein überprüft (Abb. 3.10 A). Somit sollte sicher gestellt werden, dass nur Transformanten in die F2-Generation gelangten, die nicht nur das Konstrukt enthielten sondern auch in der Lage waren das Protein zu akkumulieren.

Analog zum Vergleich zwischen Hygromycin-Selektion und PCR konnte hier festgestellt werden, dass nicht alle in der Standard-PCR als positiv-ausgewiesenen Transformanten das MKK5-Protein tatsächlich anhäuften. Ebenfalls variabel gestaltete sich die Menge an MKK5-Protein wie an den unterschiedlichen Intensitäten nach Immunoblotting zu erkennen war. Nur potentielle Transformanten, die sowohl in der Standard-PCR als auch nach Detektion durch Antikörper positiv hervorstachen, wurden weiter genutzt.

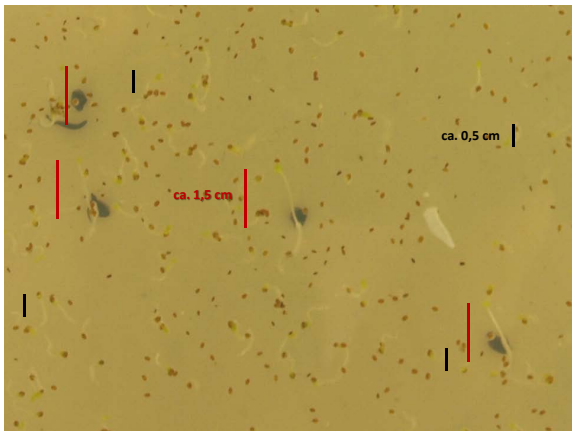


Abbildung 3.8: Hygromycin-Selektion transformierter Samen. Wildtyp-Pflanzen wurden mit dem DD-Konstrukt transformiert und deren Samen auf Hygromycin-enthaltendem Medium selektiert. Positive Pflanzen sollten ein verlängertes Hypokotyl aufweisen. Hier waren diese ca. 1,5 cm lang (rot) gegenüber nicht-transformierten Pflanzen mit ca. 0,5 cm (schwarz).

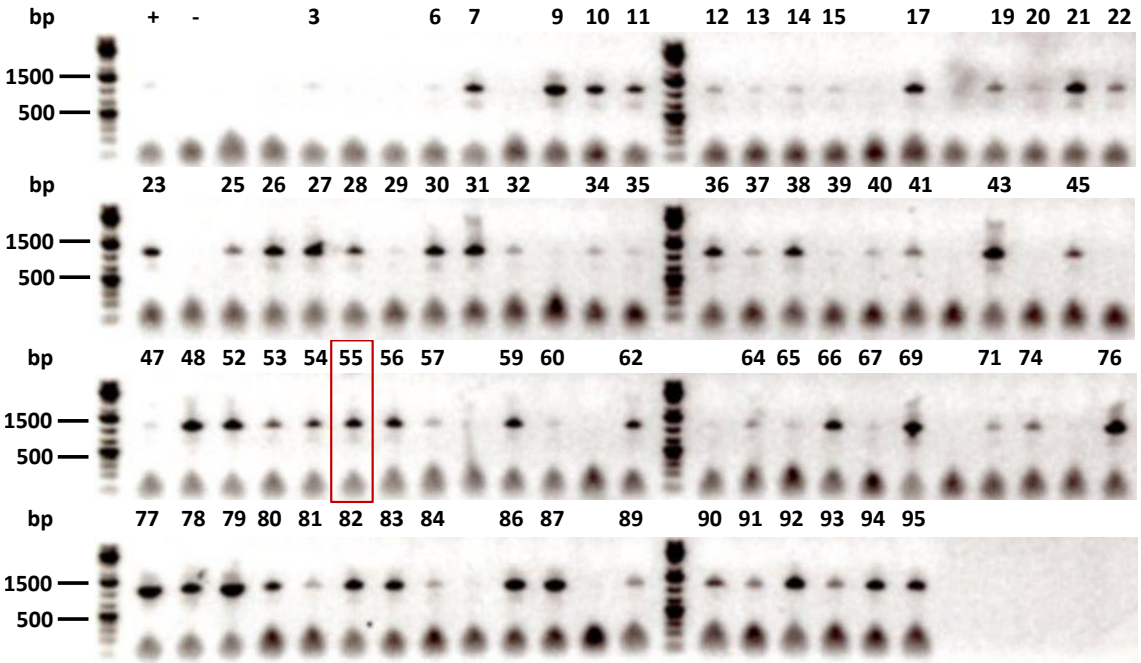


Abbildung 3.9: Selektion von positiven Transformanten mittels Standard-PCR nach Hygromycin-Selektion. Dargestellt sind mehrere Pflanzen einer Wildtyplinie (Col-0 DD) sowie positiv- (+) als auch negativ-Kontrolle (-).

F2-Generation

In der F2-Generation wurden mehr als 1000 Pflanzen des Wildtyps und der Mutanten auf das Vorhandensein des Proteins MKK5 nach DEX-Induktion untersucht. Dabei konnte beobachtet werden, dass die Akkumulation von MKK5-Protein in den Pflanzen der F2-Generation stark schwankt zwischen keiner bzw. sehr starker Induktion (Abb. 3.10 B). Diese Beobachtung legte nahe, dass ebenfalls in weiteren Generationen dieser Effekt auftreten wird. Deshalb sollten alle F3-Pflanzen auf DEX-Induktion überprüft werden, um so Pflanzen mit einem niedrigen Positiven-Anteil auszusortieren (Kap. 3.2.2). Im Fall des Wildtyps konnte dies für Col-0 DD55 F2 4 (F1-Generation Nr. 55, Abb. 3.10 A; F2-Generation Nr. 4, Abb. 3.10 B; F3-Generation, Abb. 3.11) nicht jedoch für die 2 (Abb. 3.10 B) festgestellt werden. Damit sollte verhindert werden, dass zu viele Pools mit negativen Pflanzen verunreinigt werden. Ebenfalls wurden alle F3-Pflanzen auf den Zeitpunkt ihrer MKK5-Proteininduktion hin überprüft, um möglichst einheitlich reagierende Mutanten zu verwenden (Kap. 3.2.3). Die Darstellung der Immunoblot-Selektion von Col-0 KR befindet sich im Anhang (Abb. A.5 A/B). Für *rbohF* DD konnte keine positive Mutante erhalten werden.

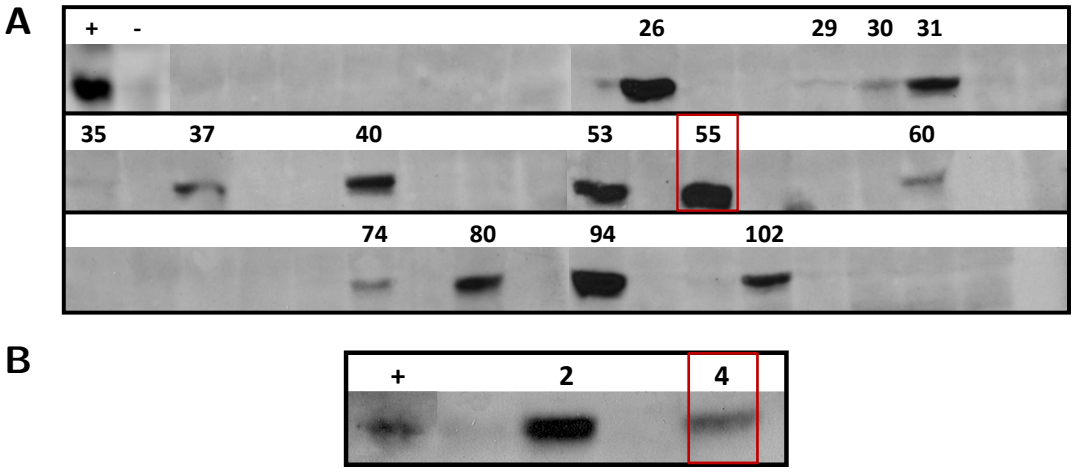


Abbildung 3.10: Selektion der F1-/F2-Generation per Immunoblot. A. Dargestellt ist die F1-Generation der Col-0 DD Linie. **B.** Gezeigt ist die F2-Generation einer in der F1-Generation positiven Col-0 DD-Pflanze (Col-0 DD55, siehe auch Abb. 3.9). Nicht nummerierte Proben sind Negative. Der rote Rahmen markiert die in dieser Arbeit weiter verwendete Linie (Col-0 DD55 F2 4). Da bei dieser Analyse eine ja-/nein-Anwort erwartet wurde, wurde die Ladungskontrolle nicht abgebildet.

3.2.2 Reaktion der Transformanten-Linien auf DEX-Induktion

Nach der Selektion transformierter Pflanzen mittels Hygromycin, PCR und Immunoblot sollten die Pflanzen und deren Reaktion auf das Hormon DEX überprüft werden (Tab. 3.2). DEX-

induzierte Expression des Proteins MKK5 führte in Wildtyp-Pflanzen zum Zelltod (Col-0 DD55 F2, Abb. 3.11 A). Im Gegensatz traten bei KR-Pflanzen auf Grund der Implementation der Kinase-toten Variante von MKK5 keine letalen Effekte auf (Col-0 KR51 F2 45, Abb. 3.11 B). Das Ziel dieses Experimentes lag in der Auswahl von Transformantenlinien, in denen jede Pflanze aus einem Probenpool das Transgen exprimiert. Dies gelingt über die Bestimmung der Homozygotie, die allerdings *silencing*-Effekte nicht ausschließen konnte. Um die Segregation zu bestimmen, wurden deshalb von allen Transformantenlinien jeder Mutante 18 Pflanzen sechs Wochen angezogen und anschließend mit DEX besprüht. Von Linien, die hier eine hohe Letalitätsrate aufwiesen und ebenfalls im Immunoblot positiv auffielen, wurden erneut 54 Pflanzen angezogen und visuell ausgewertet. Sowohl für den Wildtyp Col-0 DD und alle Mutanten außer

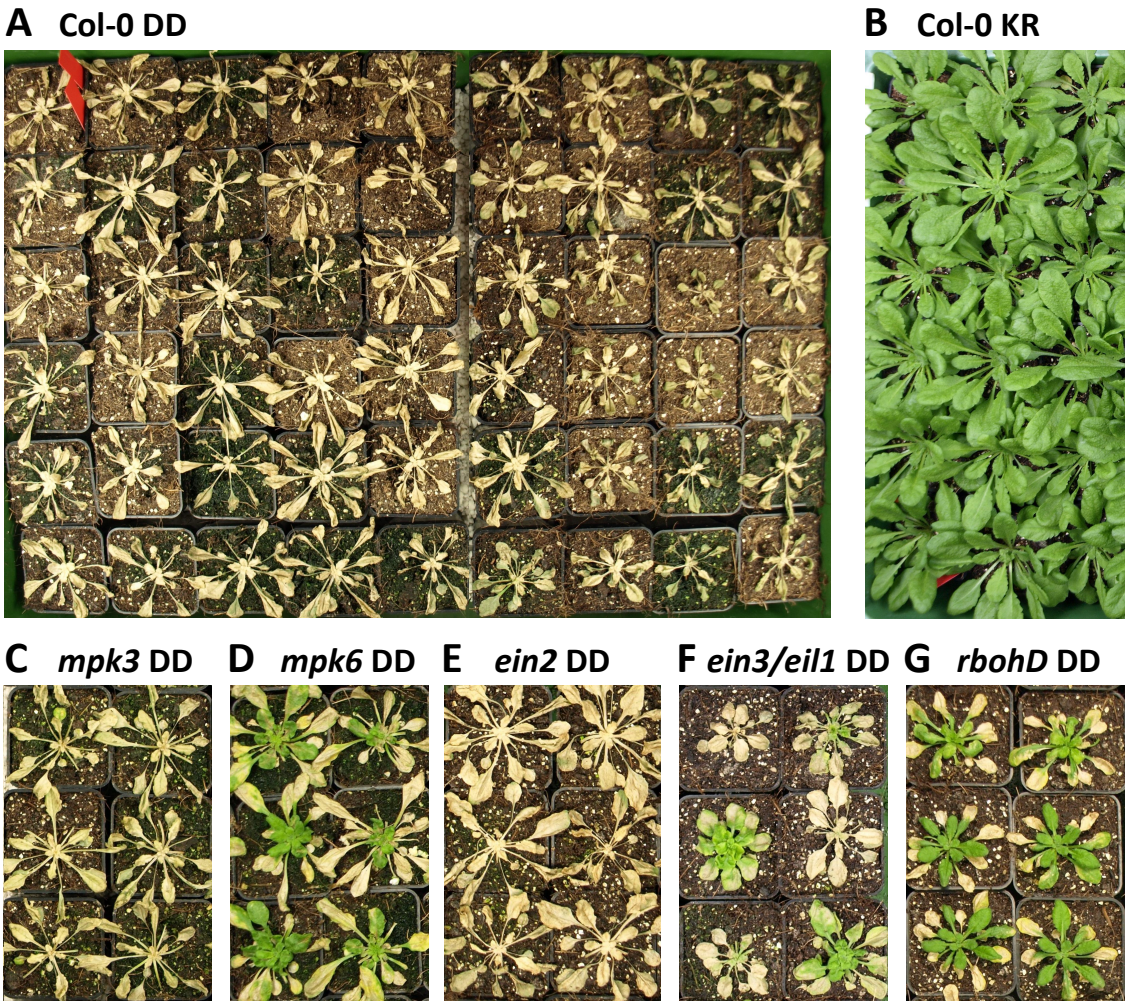


Abbildung 3.11: Visuelles Überprüfen der F3-Generation durch DEX-Behandlung. Die Überprüfung des letalen Effekts erfolgte drei Tage nach DEX-Behandlung. Ob Pflanzen sich regenerieren konnten, wie hier dargestellt, wurde zehn Tage nach DEX-Behandlung geprüft. **A.** Die 54 DEX-induzierten Pflanzen von Col-0 DD55 F2 4 reagierten einheitlich letal. **B.** Die 18 Kontrollpflanzen von Col-0 KR51 F2 45 zeigten keine letale Reaktion. **C** - mpk3 DD1 F2 52, **D** - mpk6 DD7 F2 15, **E** - ein2 DD4 F2 20, **F** - ein3/eil1 DD1 F2 33, **G** - rbohD DD5 F2 55.1.

ein3/eil1 DD konnte eine Linie gefunden werden, deren Pflanzen zu 100% Letalität zeigten. Nach ca. drei Tagen konnte dieser Status erreicht werden. Die Mutante *ein3/eil1* DD hatte eine Überlebensrate von ca. 15-20%. Bei *mpk6* DD, *ein3/eil1* DD und *rbohD* DD konnte zum Teil eine Regeneration der Pflanzen bis zum Überleben beobachtet werden (Abb. 3.11 D/F/G).

Tabelle 3.2: Aufschlüsselung positiver Transformanten in den Generationen. Hyg +, verlängertes Hypokotyl auf Hygromycin-enthaltendem Medium; PCR +, Bande in der PCR-Analyse; Immunoblot +, Bande in der Immunoblot-Analyse; F1-3, Pflanzengeneration; visuell +, Prozentigkeit der Letalität. In Klammern ist die Anzahl der in der F2-Generation getesteten F1 vermerkt.

	F1			F2	F3
Linie	Hyg +	PCR +	Immunoblot +	Immunoblot +	visuell +
Col-0 KR	95	52	4	23 (3)	-
Col-0 DD	124	78	14	13 (3)	100%
mpk3 DD	124	29	2	18 (3)	100%
mpk6 DD	9	3	1	2 (1)	100%
ein2 DD	14	6	4	21 (3)	100%
ein3/eil1 DD	21	4	1	4 (1)	ca. 80%
rbohD DD	33	11	1	15 (2)	100%

3.2.3 Zeitverlauf der Induktion des MKK5-Proteins

Diese phänotypischen Effekte nach DEX-Induktion sollten ebenfalls auf molekularer Ebene durch einen Nachweis mittels Immunoblot gezeigt werden. Dafür wurden nach DEX-Besprühung sechs Pflanzen pro Zeitpunkt über einen Zeitraum von 36 Stunden vereinigt. Für die Mutantenlinien wurden sechs Blätter verschiedener Pflanzen zu einer Probe vereinigt. In Col-0 KR (Col-0 KR51 F2 45) sowie in Col-0 DD (Col-0 DD55 F2 4) konnte über die gesamte Probenentnahmezeit das Protein MKK5 durch einen cMyc-Antikörper gezeigt werden (Abb. A.6 A/B). Bei beiden Linien schien der erste sichtbare Nachweis bei ca. vier Stunden aufzutreten. Basierend auf dieser Information wurde Blattmaterial für die Wildtyp- und Mutanten-Linien zu bestimmten Zeitpunkten gesammelt (Abb. A.6 C/D, Tab. 3.3, Kap. 2.2.2).

Tabelle 3.3: Zusammenfassung der Zeitpunkte nach DEX-Besprühung für die Probennahme der ausgewählten Transformantenlinien. Die Auswahl der Zeitpunkte basiert auf Auswertung der cMyc-Immunoblots. *ein2* DD, *ein3/eil1* DD und *rbohD* DD wurden nicht gelistet, da für diese Mutanten in dieser Arbeit keine Analyse des Phosphoproteoms vorliegt.

Linie	Zeitpunkte der Probennahme
Col-0 KR51 F2 45	4 h, 5 h, 7 h, 8 h
Col-0 DD55 F2 4	4 h, 5 h, 7 h, 8 h
mpk3 DD1 F2 52	4 h
mpk6 DD7 F2 15	8 h

3.2.4 Zeitverlauf der Phosphorylierung der MPK 3 und/oder 6

Ein weiterer, wichtiger Punkt neben der bloßen Expression des MKK5-Proteins ist die tatsächliche Phosphorylierung der MPK3 bzw. 6 durch MKK5. Erst diese führt zur Aktivierung der beiden Kinasen, die somit in der Lage sind ihrerseits Substrate zu phosphorylieren. Die Aktivierung wurde mittels Immunblot mit dem TEY-Antikörper überprüft (Kap. 2.2.9). Dieser Antikörper detektiert spezifisch das pTEpY-Motif, welches am Tyrosin und Threonin nach Aktivierung von MAPKs phosphoryliert vorliegt.
Für Col-0 DD konnte gezeigt werden, dass ab vier Stunden eine leichte Induktion der MPK6 erfolgte (Abb. 3.12). Nach sechs Stunden konnte ebenfalls die Phosphorylierung der MPK3 nachgewiesen werden. Die Phosphorylierung beider Kinasen blieb konstant bis 24 Stunden erhalten. Die MPK4 sowie 11, die durch MKK5 nicht aktiviert werden sollten, wurden in diesem Assay nicht detektiert. Zum Vergleich waren weder die Phosphorylierung von MPK3 noch MPK6 in Col-0 KR nachweisbar. Die Ladungskontrolle zeigte keine unterschiedlichen Auftragungen. Die Aktivierungsstärke von MPK3/6 unterschieden sich in den Mutanten. Bei der jeweiligen Mutante (*mpk3* DD, *mpk6* DD) fehlte das entsprechende Phosphorylierungssignal.

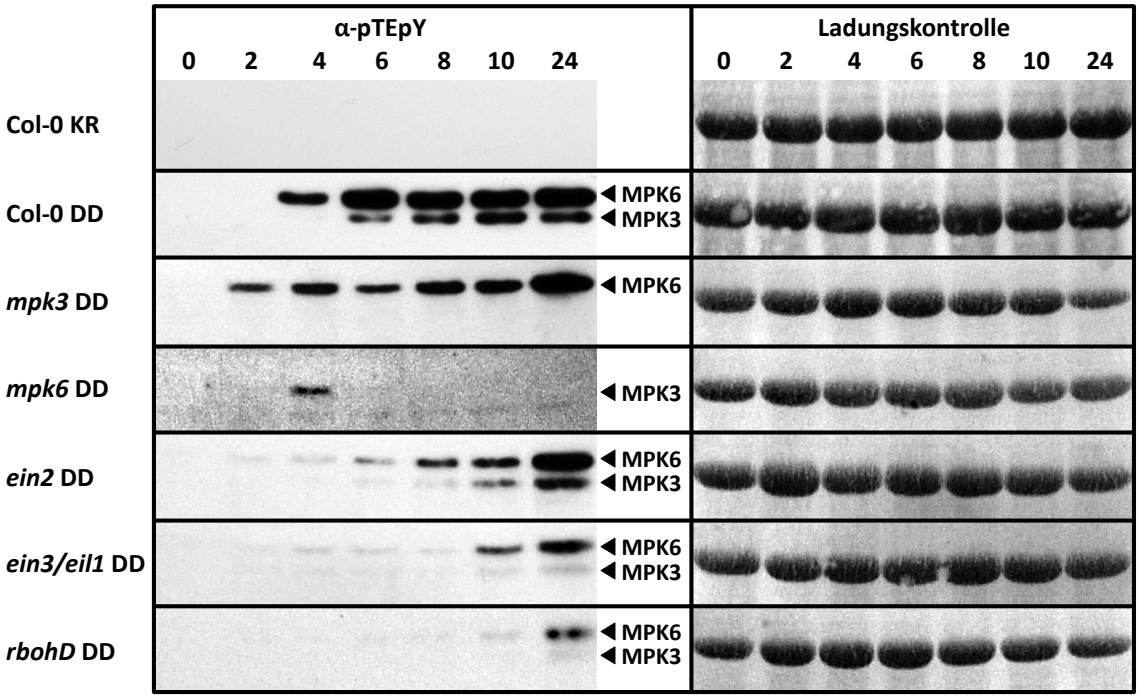


Abbildung 3.12: Zeitlicher Verlauf der Phosphorylierung von MPK3 und 6 im Wildtyp und den Mutanten. Es wurde der TEY-Immunoblot zwischen Col-0 DD, Col-0 KR und den Mutanten in verschiedenen Zeitabständen von 0 bis 24 Stunden verglichen. In Col-0 DD wurden MPK3/6 ab ca. vier Stunden aktiviert. Col-0 KR zeigte keine Phosphorylierung. Die Ladungskontrolle zeigte keine unterschiedlichen Auftragungen. Die Aktivierungsstärke von MPK3/6 unterschieden sich in den Mutanten. Bei der jeweiligen Mutante (*mpk3* DD, *mpk6* DD) fehlte das entsprechende Phosphorylierungssignal.

Die generierten Pflanzenlinien zeigten die gewünschte Phosphorylierung der MPK3/6 und können daher für Proteom- insbesondere Phosphoproteom-Studien verwendet werden.

3.2.5 Unterschiede in der Proteinexpression der verschiedenen Transformanten-Linien

In den vohergehenden Experimenten konnte gezeigt werden, dass das Protein MKK5 in den Wildtyp- und Mutantenlinien exprimiert wird. Dieses ist danach in der Lage MPK3 und 6 zu phosphorylieren. Diese wiederum phosphorylieren ihre Substrate. Die Ergebnisse zur Phosphoproteom-Analyse sind in Kapitel 3.3 zu finden. Parallel zu letzt genannten Analysen wurde das Gesamtproteom aller Linien zu verschiedenen Zeitpunkten gemessen. Dafür wurden nach 6-wöchiger Anzucht alle Linien mit DEX besprüht und nach 0, 2, 4, 6, 8, 10 und 24 Stunden drei Pflanzen pro Linie zu einer Probe vereint. Von diesem Experiment wurden drei Replikate angefertigt, außer für die Mutante *ein2* DD, für die nur zwei Replikate zur Vefügung standen. Jedes der Replikate wurde einmal mittels LC-MS (2 µg verdautes Protein) gemessen. Die anschließende Auswertung erfolgte via der Software Progenesis LC-MS. Dabei wurden alle Zeitpunkte einer Linie separat von anderen Linien verglichen.
Die Aktivierung der MPK3/6 in Col-0 DD führte zu einer signifikanten Änderung der Proteinzusammensetzung im Vergleich zu Col-0 KR. Dabei wurden nur Proteine berücksichtigt, die einen *p-value* von mindestens 0,05 aufwiesen und sich innerhalb des Zeitverlaufes mindestens um das zweifache in ihrer Abundanz änderten. Es wurden alle Proteine betrachtet, die zum 24-Stunden-Zeitpunkt eine maximale Abundanz (hochreguliert) oder minimale Abundanz (herunterreguliert) bzw. innerhalb des 24-Stunden-Zeitraums zu irgendeinem Zeitpunkt eine maximale Abundanz (unregelmäßig reguliert) aufwiesen. Die Proben von Col-0 KR zeigten nur ca. 200 Proteine, die sich im Zeitverlauf in ihrer Abundanz veränderten (Abb. 3.13). Die Mutante *mpk3* DD hatte eine ähnliche Alternierung der Proteine wie Col-0 DD, wobei in der Mutante ca. 100 Proteine mehr Veränderungen zeigten im Vergleich zu Col-0 DD (ca. 700). Die anderen Mutanten zeigten in etwa 30% weniger sich ändernde Proteine. Besonders die Mutante *mpk6* DD fiel mit einer Reduktion um 60% auf nur ca. 280 Proteine auf. Damit ähnelte diese Mutante fast Col-0 KR. In den einzelnen Linien konnten zwischen 1900 und 2200 Proteine insgesamt identifiziert werden, womit die Vergleichbarkeit gegeben ist. Die Proteine von Col-0 KR, Col-0 DD und allen Mutanten sind in Tabelle B.4 bis B.10 zusammengefasst.
Die in diesem Zeitverlauf sich ändernde Abundanz vieler Proteine hatte verschiedene Tendenzen. Es traten sowohl hoch- und herunterregulierte Proteine als auch Proteine mit unregelmäßigem Abundanzmuster auf. Die Heatmap verdeutlicht exemplarisch für Col-0 DD die Tendenzen (Abb. 3.14). Auf die Angabe der Proteincodes wurde mit Absicht verzichtet, da es sich um eine Übersicht handelt. Die Darstellung wurde auf Basis der Kalkulation der Maximum-normalisierten, relativen Abundanz jedes Proteins erstellt. Die meisten unterschiedlichen Proteine sind hochreguliert nach DEX-Behandlung und sind auf der linken Seite zu sehen. Sehr

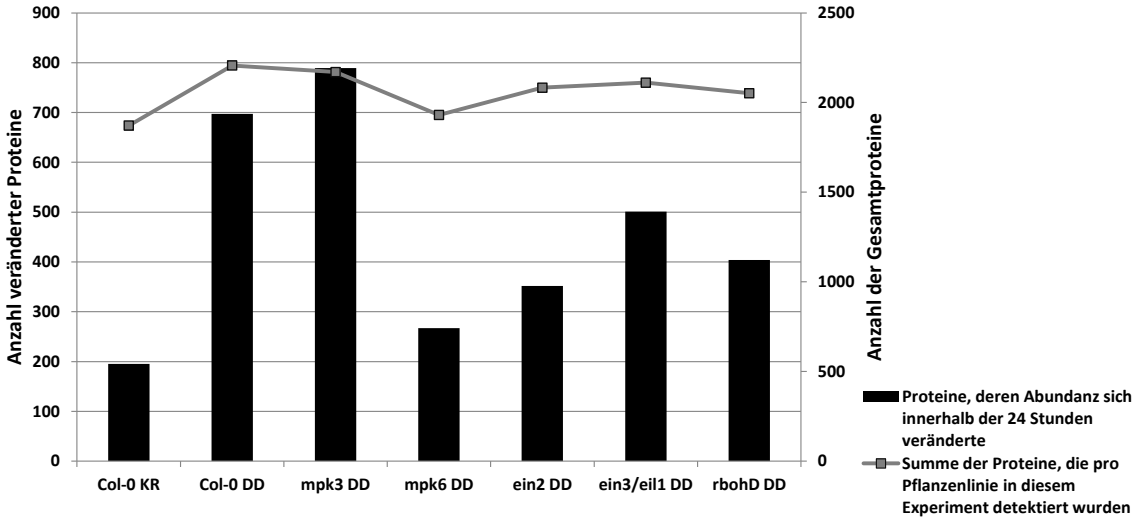


Abbildung 3.13: Veränderung der Proteinzusammensetzung innerhalb eines Tages nach DEX-Behandlung in Col-0 KR, Col-0 DD und den Mutantenlinien. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per MS analysiert und mit der Software Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Aktivierung der MPK3/6 führte zu einer signifikanten Änderung der Proteinzusammensetzung im Vergleich zu Col-0 KR (*p-value*<0,05, *maximum fold change*>2,0). Die Proben von Col-0 KR zeigten nur ca. 200 Proteine, die sich im Zeitverlauf in ihrer Abundanz veränderten (schwarze Balken, linke Skala). Die *mpk3* DD Mutante hatte eine ähnliche Alternierung der Proteine wie Col-0 DD. Die anderen Mutanten wiesen geringere Änderungen der Proteinabundanzen auf, wobei *mpk6* DD sich ähnlich Col-0 KR zeigte. In jeder Linie selbst konnten zwischen 1900 und 2200 Proteine identifiziert werden (graue Linie, rechte Skala).

helles grün bedeutet dabei wenig bzw. kein Protein, rot verdeutlicht die maximale Abundanz. Von links nach rechts lassen sich 0-24 Stunden verfolgen. Die meisten der hochregulierten Proteine veränderten ihre Abundanz spät aber stark (untere Hälfte der linken Seite). Diese traten bis zu 10 Stunden nur in geringen Mengen auf, um von 10 bis 24 Stunden die maximale Abundanz zu erreichen. Nur eine kleine Anzahl von ca. 125 Proteinen war herunterreguliert. Diese Regulation trat ebenfalls bevorzugt zu späteren Zeitpunkten auf. Circa 70 Proteine waren unregelmäßig reguliert, zeigten also keine Tendenz zum 24-Stunden-Wert.

Wurden einzelne Proteine aus Genfamilien im zeitlichen Verlauf und in den Mutanten verglichen, zeigten sich signifikante Unterschiede (Abb. 3.15). Die Proteine GSTF2/6/7 (Glutathion-S-Transferase F2/6/7) stiegen in ihrer Abundanz ab ca. acht Stunden an im Vergleich zu Col-0 KR, die keine Reaktion zeigte. Ebenfalls GSTF8/9/10 veränderten sich in ihrer Abundanz über 24 Stunden nicht. GSTF2 hatte in Col-0 DD sowie der *mpk3* DD- und *rbohD* DD-Mutante ein ähnliches Abundanzmuster. Die anderen Mutanten wiesen verspätete bzw. im Falle von *mpk6* DD fast keine Reaktion auf. GSTF6 zeigte in der Mutante *ein2* DD ein Col-0 DD ähnliches Abundanzmuster. *ein3/eil1* DD und *rbohD* DD waren in ihrer GSTF6-Reaktion verzögert bzw. vermindert. *mpk6* DD wies wie bei GSTF2 den geringsten Unterschied auf. GSTF7 wies Ähnlichkeiten zu GSTF6 auf.

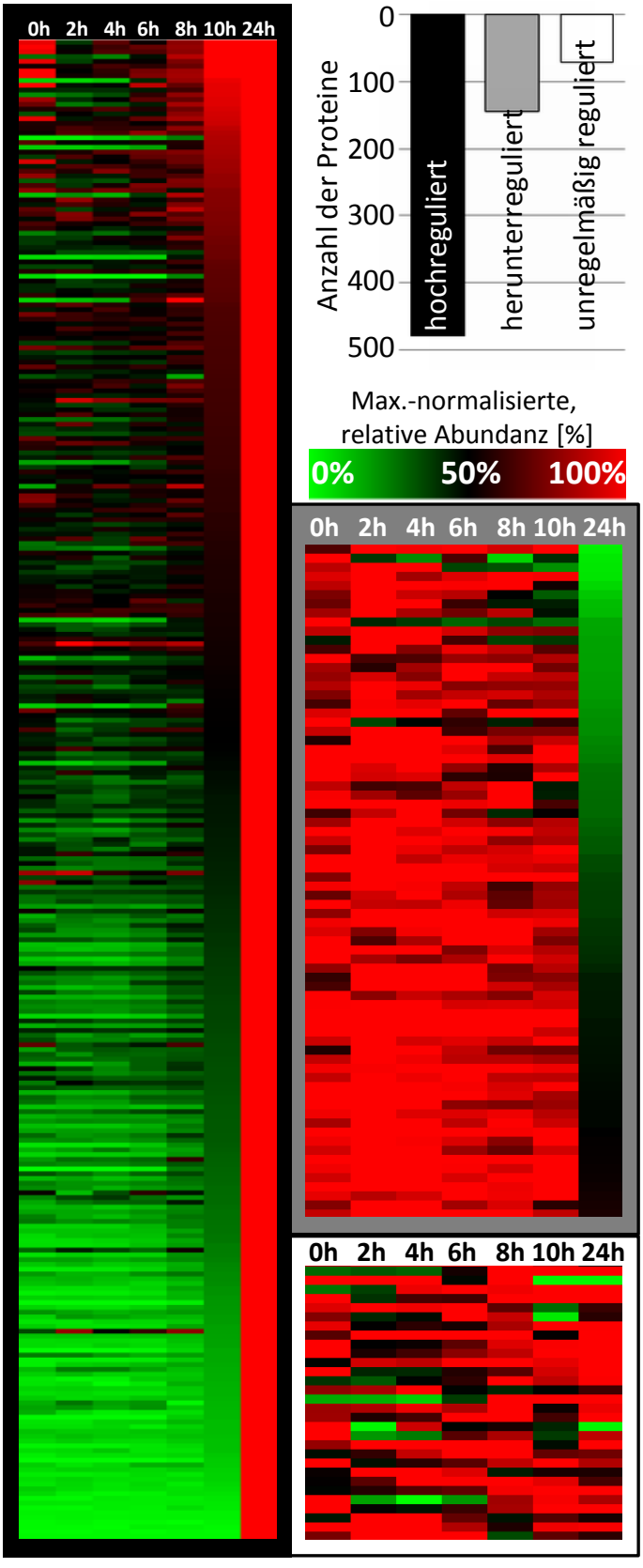


Abbildung 3.14: Regulation der Proteine nach DEX-Behandlung in Col-0 DD-Pflanzen. Die Heatmap wurde nach Kalkulation der Maximum-normalisierten Werte jedes Proteins erstellt. Die meisten unterschiedlichen Proteine sind hochreguliert nach DEX-Behandlung (ca. 500, linke Seite, schwarz). Sehr helles grün bedeutet dabei wenig bzw. kein Protein, rot verdeutlicht die maximale Abundanz. Viele der hochregulierten Proteine veränderten ihre Abundanz spät aber stark (untere Hälfte der linken Seite). Nur eine kleine Anzahl von ca. 125 Proteinen war herunterreguliert (grau), was ebenfalls zu einem späteren Zeitpunkt auftrat. Circa 70 Proteine waren unregelmäßig reguliert, d.h. zu irgendeinem Zeitpunkt war die Abundanz maximal (weiß). Von links nach rechts lassen sich 0-24 Stunden verfolgen.

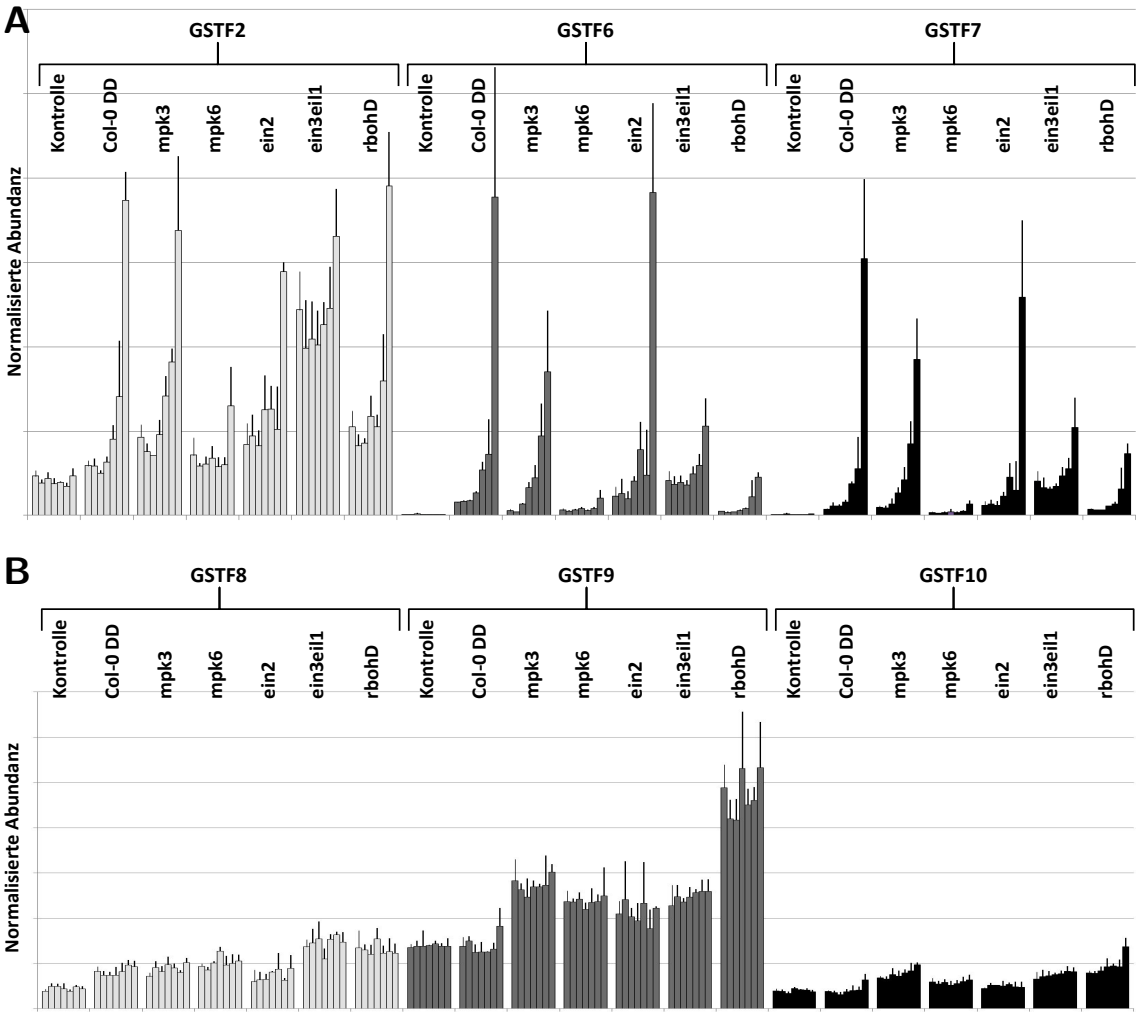


Abbildung 3.15: Veränderte Abundanz verschiedener GSTFs nach DEX-Behandlung. Die Balken repräsentieren den Mittelwert der normalisierten Abundanz aus drei biologischen Replikaten. Für jedes Protein und Linie ist von links nach rechts der Zeitverlauf von 0 bis 24 Stunden dargestellt. Die Standardabweichung zeigt sich als positive, vertikale Linie. **A.** GSTF2/6/7 stiegen in ihrer Abundanz ab ca. acht Stunden an im Vergleich zu Col-0 KR, die keine Reaktion zeigte. In den Mutanten *mpk3* DD und *rbohD* DD zeigte sich ein ähnliches Muster wie in Col-0 DD. Die anderen Mutanten wiesen verspätete bzw. im Falle von *mpk6* DD fast keine Reaktion auf. Diese Reaktion der Mutanten bezieht sich auf GSTF2. GSTF6/7 zeigten Unterschiede zu GSTF2. **B.** Der gleiche Zeitverlauf wurde für GSTF8/9/10 erstellt, die allerdings keinerlei Reaktion auf die DEX-Behandlung zeigten.

Im Allgemeinen zeigten sich nicht nur die GSTFs, als Proteinfamilie, mit signifikanten Unterschieden über die Zeit und in verschiedenen Mutanten, sondern eine Reihe von Protein-Clustern veränderten sich nach DEX-Behandlung (Abb. 3.16). Die nach DEX-Behandlung hochregulierten Proteine bildeten zum Teil Funktionscluster. Die Proteinverbindungen wurden mit String 9.05 erstellt (*confidence score* 0.7). Besonders hervorstechende Cluster in Col-0 DD waren dabei der primäre Metabolismus, Translation, Peptidasen und Proteasome, sowie weniger

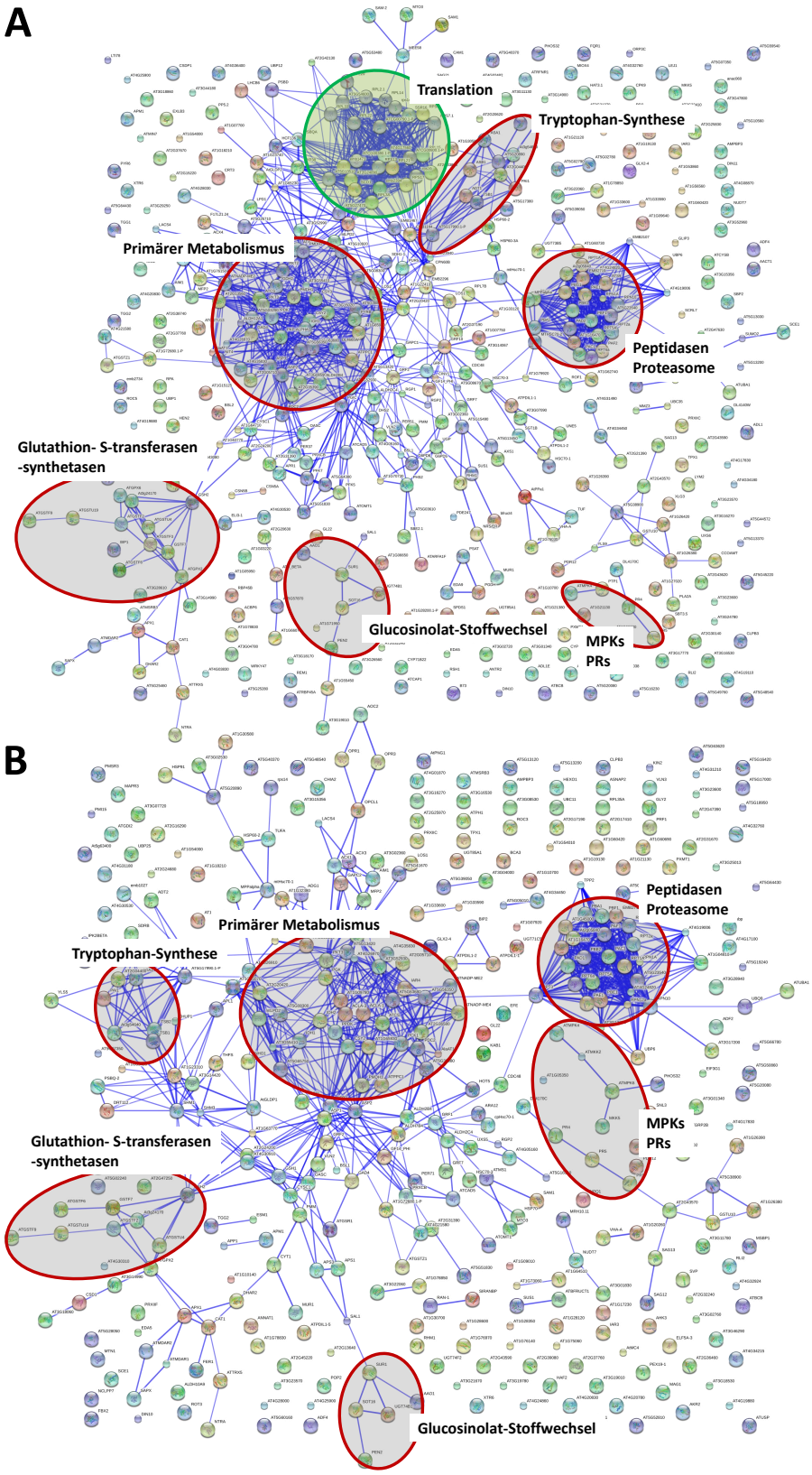


Abbildung 3.16: Protein-Cluster verändern sich nach DEX-Behandlung. Die nach DEX-Behandlung hochregulierten Proteine bildeten zum Teil Funktionscluster. Die Proteinverbindungen wurden mit String 9.05 erstellt (*confidence score* 0.7). **A.** Besonders hervorstechende Cluster in Col-0 DD waren dabei der primäre Metabolismus, Translation, Peptidasen und Proteasome, sowie weniger ausgeprägt der Glucosinolat-Stoffwechsel, Tryptophan-Synthese und Glutathion-S-Transferasen (rot umrandet). **B.** In der Mutante *mpk3* DD stellte sich die Clusterbildung ähnlich dar mit dem Unterschied, dass der Translationsteil komplett fehlte (grün umrandet).

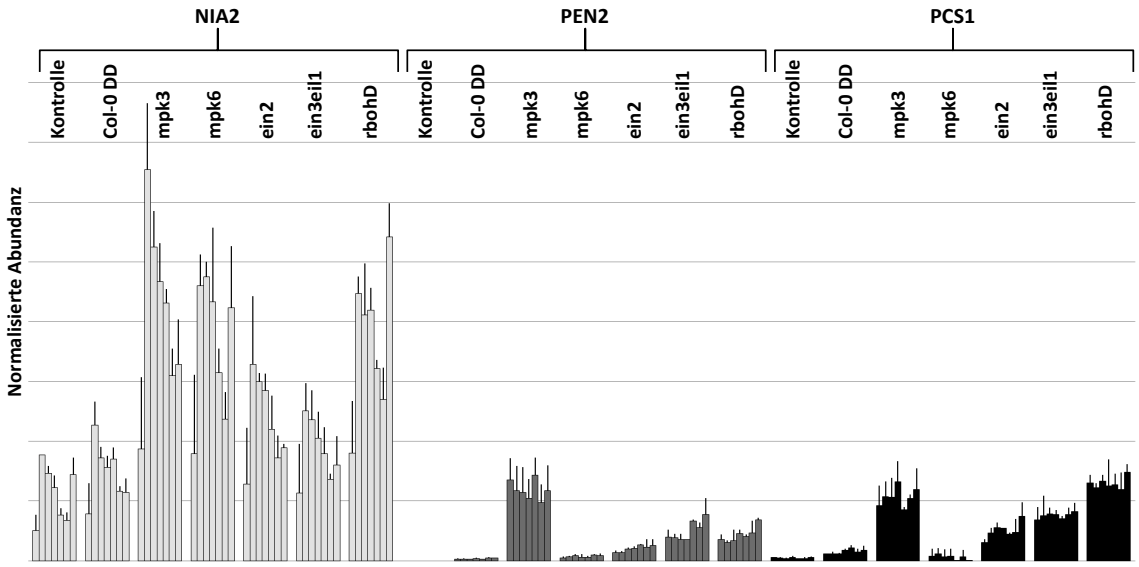


Abbildung 3.17: Putative MPK3/6-Substrate lagen in ihrer Proteinabundanz unverändert vor. Die Balken repräsentieren den Mittelwert der normalisierten Abundanz aus drei biologischen Replikaten. Für jedes Protein und Linie ist von links nach rechts der Zeitverlauf von 0 bis 24 Stunden dargestellt. Die Standardabweichung zeigt sich als positive, vertikale Linie. Das Abundanzmuster der Proteine innerhalb des Tagesverlaufs unterschied sich zwischen den Linien nicht. Lediglich die Grundabundanz war nicht identisch.

ausgeprägt der Glucosinolat-Stoffwechsel und die Tryptophan-Synthese (rot umrandet). Neben den in Abb. 3.15 dargestellten GSTFs konnten weitere Glutathion-S-Transferasen beobachtet werden, die eine höhere Abundanz nach DEX-Behandlung aufwiesen. Interessant zeigte sich die Mutante *mpk3* DD, die eine ähnliche Clusterbildung wie Col-0 DD hatte mit dem Unterschied, dass der Translationsteil (grün umrandet) komplett fehlte.

In einem späteren Kapitel (Kap. 3.3) werden putative bzw. bereits bekannte MPK3/6-Substrate beschrieben. Um den Anreicherungseffekt durch putative Phosphorylierung besser einschätzen zu können, konnte für bspw. NIA2 (Nitrat-Reduktase 2), PEN2 (Penetration 2) und PCS1 (Phytochelatin-Synthase 1) gezeigt werden, dass diese Proteine sich in ihrer Abundanz über 24 Stunden nicht veränderten (Abb. 3.17). Das Abundanzmuster der Proteine innerhalb des Tagesverlaufs unterschied sich zwischen den Linien und im Vergleich zur Kontrolle nicht. Lediglich die Grundabundanz war nicht identisch, insbesondere die Mutante *mpk3* DD wies für die drei vorgestellten Proteine eine deutlich höhere Grundabundanz als Col-0 DD und Col-0 KR auf. NIA2 verfolgte einen Tagesrythmus, der bei zwei bis vier Stunden ein Maximum erreichte, bei zehn Stunden fast den Nullwert annahm und zu 24 Stunden hin wieder leicht anstieg.

Die Phosphorylierung von MPK3/6 führte zu starken Veränderungen im Proteom von *Arabidopsis thaliana*. Die Mutantenlinien unterschieden sich hierbei ebenfalls deutlich. Die Ergebnisse dieser Gesamtproteom-Analyse können mit der Analyse des Phosphoproteoms und des Metaboloms verknüpft werden.

3.2.6 Veränderung des Metabolit-Musters nach Aktivierung von MPK3/6

Im Vergleich der Proteomzusammensetzung konnte gezeigt werden, dass vielfältige Veränderungen nach Aktivierung der MPK3/6 stattfinden. Unter diesen konnten nicht nur Proteine des primären sondern auch des sekundären Stoffwechsels gefunden werden. Änderungen der an diesen Stoffwechselwegen beteiligten Metabolite wurden mittels Massenspektrometrie analysiert. Dafür wurden von Col-0 KR und Col-0 DD von 0 bis 36 Stunden nach DEX-Behandlung sechs Wochen alter Pflanzen die Blätter von je sechs Pflanzen vereint. Nach Extraktion der Metabolite erfolgte die Analyse per LC-MS. Für den positiv- und negativ-gemessenen Datensatz wurden alle *Features* detektiert, die Retentionszeit angepasst und eine $\log_2$-Transformation durchgeführt. So ergaben sich für den positiven Datensatz 12913 molekulare *Features*, für den negativen 10731. Nach einer Zwei-Wege ANOVA mit einem p-Wert kleiner 0,01 verblieben entsprechend 2952 und 2961 *Features*. Nach Anlegen eines Intensitätsfilters von größer 2^{14} *counts* verringerte sich die Anzahl der *Features* auf 853 und 724. Mit diesen wurde die Annotation durchgeführt.

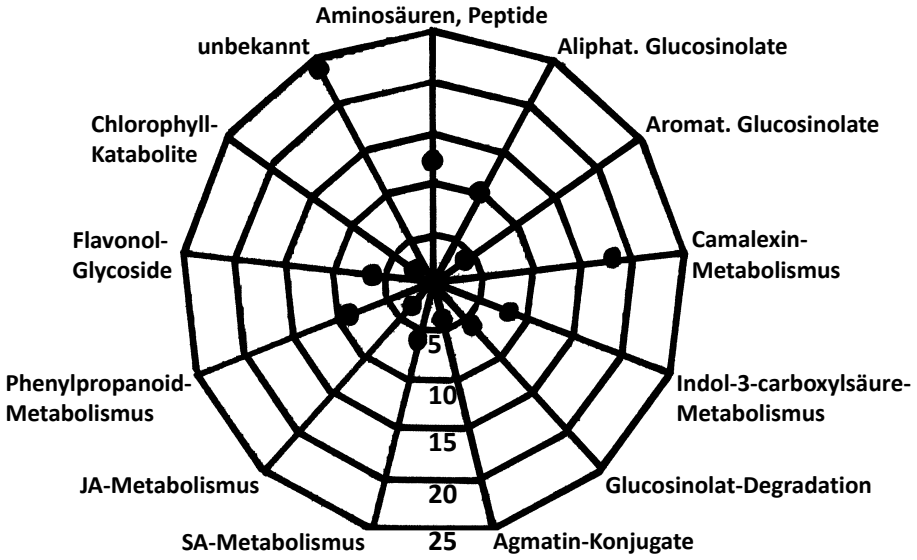


Abbildung 3.18: Einordnung der nach Phosphorylierung von MPK3/6 sich ändernden Metabolite. Einige Stoffwechselwege beinhalteten viele sich ändernde Metabolite bspw. der Camalexin-Metabolismus. Auffällig war die hohe Anzahl an noch unbekannten Metaboliten.

Dabei konnten eine Reihe verschiedenster, regulierter Metabolite beobachtet werden (Abb. 3.18). Insbesondere der Camalexin-Metabolismus, aliphatische Glucosinolate, Aminosäuren und der Indol-3-carboxysäure-Metabolismus stachen heraus. Auffällig zeigte sich ebenfalls eine hohe Anzahl an bisher unbekannten Substanzen. Tabelle B.11 und B.12 listen die annotierten Substanzen und deren analytische Daten.
Alle der in dieser Analyse gefundenen Metabolite des Camalexin-Metabolismus stiegen im Zeitverlauf in ihrer Abundanz im Vergleich zu Col-0 KR an (Abb. 3.19 B, rote Linie; Abb.

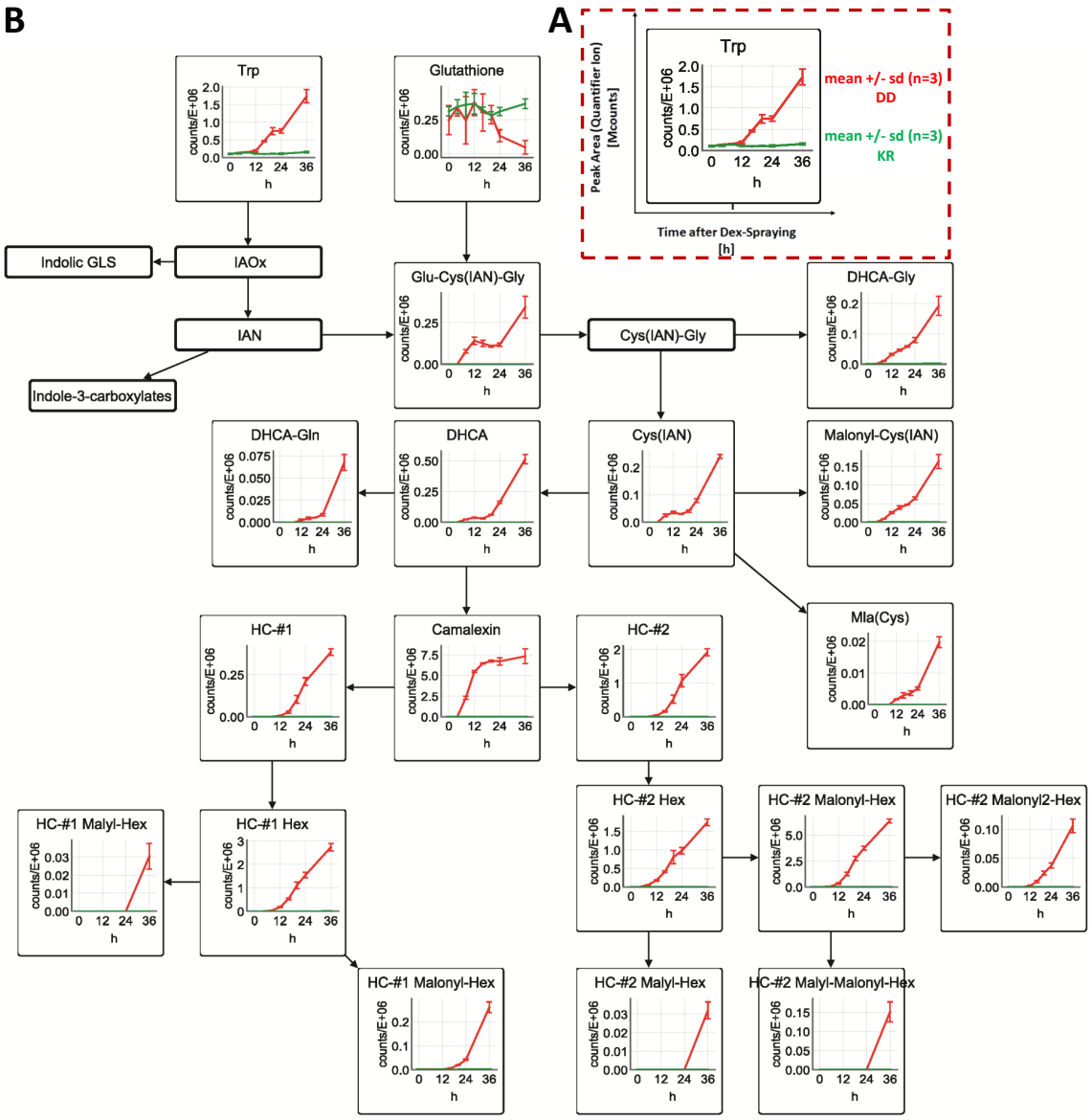


Abbildung 3.19: Metabolite aus dem Camalexin-Metabolismus nach MPK3/6-Phosphorylierung. A. Vergrößerte Darstellung der Änderung von Metaboliten am Bsp. von Trp. Jeder Datenpunkt repräsentiert den Mittelwert der Peakfläche (AUC, *area under curve*) aus drei biologischen Replikaten. Für jeden Metabolit ist von links nach rechts der Zeitverlauf von 0 bis 36 Stunden dargestellt. Die Standardabweichung zeigt sich als vertikale Linie. Grün verdeutlicht Col-0 KR, in rot findet sich Col-0 DD wieder. **B.** Veränderte Metabolite im Camalexin-Metabolismus. Die meisten der gezeigten Metabolite stiegen in ihrer Abundanz im Zeitverlauf im Vergleich zu Col-0 KR an. Lediglich die Abundanz von Glutathion wurde geringer. IAOx, Indol-3-acetaldoxim; IAN, Indol-3-acetonitril; GLS, Glucosinolat. Weitere Abkürzungen befinden sich in Tabelle B.11.

A.9). Lediglich die Glutathion Menge wurde geringer. Col-0 KR (grüne Linie) war bei allen Metaboliten unauffällig bzw. der Metabolit war kaum bis nicht nachweisbar. Camalexin selbst zeigte bereits nach sechs Stunden einen steilen Anstieg, der nach circa 12 Stunden in einem konstanten Plateau mündete. Die Abundanz anderer Metabolite wie Glu-Cys(IAN)-Gly

(Indol-3-acetonitril) bzw. Cys(IAN) stieg dem Camalexin ähnlich, nur auf das Plateau folgte ein erneuter starker Anstieg. Die Abundanz weiterer Metabolite stieg ab 12 bis 24 Stunden konstant bis zum letzten Messpunkt bei 36 Stunden an.
Ähnlich traten die Metabolite des indolischen Glucosinolat (GLS)-Stoffwechsels auf (Abb. 3.20). Hier erfolgte die Reaktion auf die Phosphorylierung von MPK3/6 anscheinend noch schneller wie am Beispiel 4MeOI3M-GLS (4-Methoxy-indol-3-ylmethyl-Glucosinolat) oder $I3MNH_2$ (Indol-3-ylmethyl-amin) nach vier bis sechs Stunden zu beobachten war. Die anderen Metabolite aus diesem Stoffwechsel-Teil änderten sich ebenfalls schnell nach sechs Stunden. Der Vorläufer der genannten Substanzen nahm dagegen ab circa acht Stunden im Vergleich zu Col-0 KR deutlich ab. Weitere Reaktionen von diversen sekundären Stoffwechselwegen konnten beobachtet werden und sind im Anhang dargestellt (Abb. A.10 A-G). Der Stoffwechsel der Indol-3-carboxylsäure (G) bzw. der aromatischer Aminosäuren (B) zeigte ebenfalls deutliche Akkumulation von Metaboliten. Es fand eine Anhäufung von bekannten und unbekannten Agmatinen statt bspw. Acetylagmatin (A). Kleinere Änderungen fanden sich bei der Biosynthese von Glucosinolaten aus Met (F). Es gab keine offensichtliche metabolische Aktivität in Richtung von Hydroxy-Zimtsäuren (D), Monolignolen, Coumarin oder Flavonoiden (C). Chlorophyll

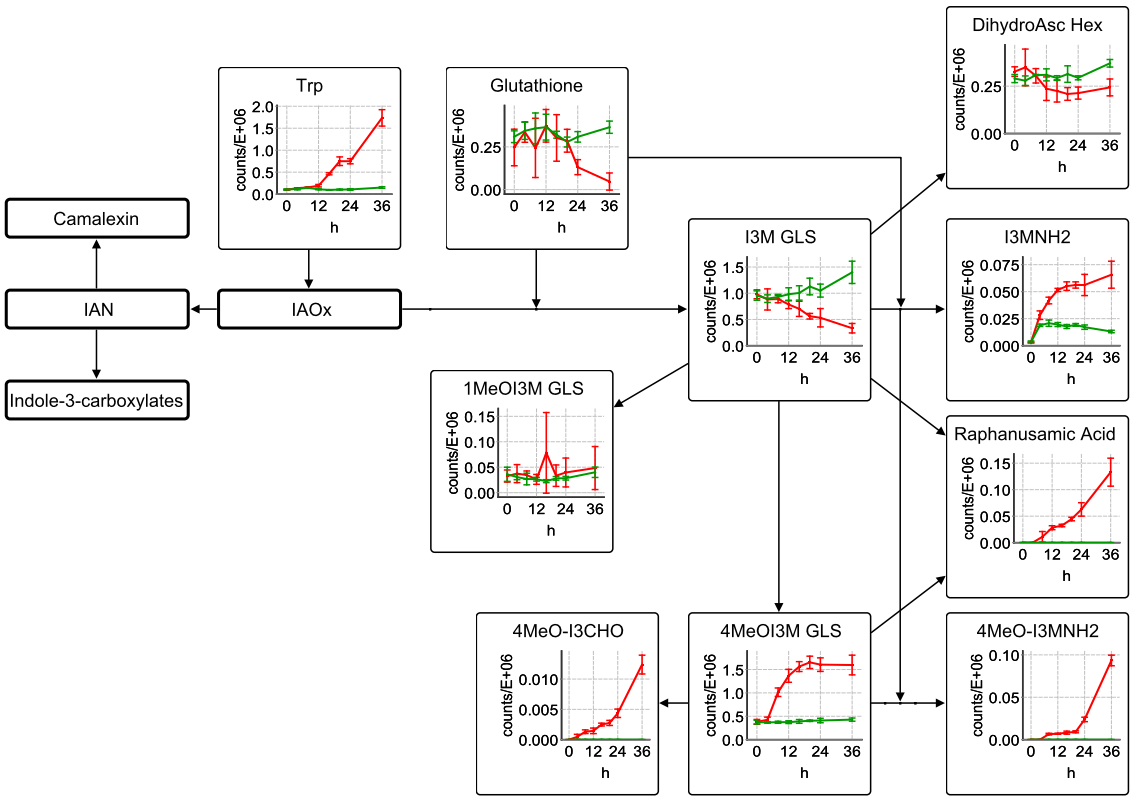


Abbildung 3.20: Metabolite aus dem Metabolismus indolischer Glucosinolate nach MPK3/6-Phosphorylierung. Viele der gezeigten Metabolite stiegen in ihrer Abundanz im Zeitverlauf im Vergleich zu Col-0 KR an. Die Beschriftung verhält sich analog zu Abb. 3.19. IAOx, Indol-3-acetaldoxim; IAN, Indol-3-acetonitril; GLS, Glucosinolat. Weitere Abkürzungen befinden sich in Tabelle B.11.

dagegen wurde ab circa 18 Stunden degradiert (E).
Werden einzelne Metabolite betrachtet und setzt diese in den bestehenden Mutanten-Hintergrund zeigten sich deutliche Unterschiede zu Col-0 DD, die sich fast auf Col-0 KR-Niveau bewegten. Für diese Analyse wurden von Col-0 KR, Col-0 DD und allen Mutanten bei 24 Stunden nach DEX-Behandlung Blattproben gesammelt und massenspektrometrisch analysiert. Je Modus (negativ, positiv, negativ verdünnt) und Metabolit wurde über alle Linien Maximum-normalisiert. Die Maximum-normalisierten Werte wurden zu einem Mittelwert verrechnet. Im Fall von Camalexin und 4MeOI3M-GLS wurden die Einzelwerte aus dem positiven Modus, dem negativen Modus und dessen Verdünnung genutzt (neun Werte pro Metabolit), für Acetylagmatin wurde im positiven Modus gemessen (drei Werte), für I3M-GLS wurde der negative Modus mit Verdünnung genutzt (sechs Werte). Deutlich zeigte sich erneut die starke Abundanzerhöhung dieser drei Metabolite (Camalexin, 4MeOI3M-GLS, Acetylagmatin) in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR (Abb. 3.21). Die Veränderung in den Mutanten unterschied sich jedoch deutlich. Außer in der *mpk6* DD Mutante veränderte sich die Abundanz

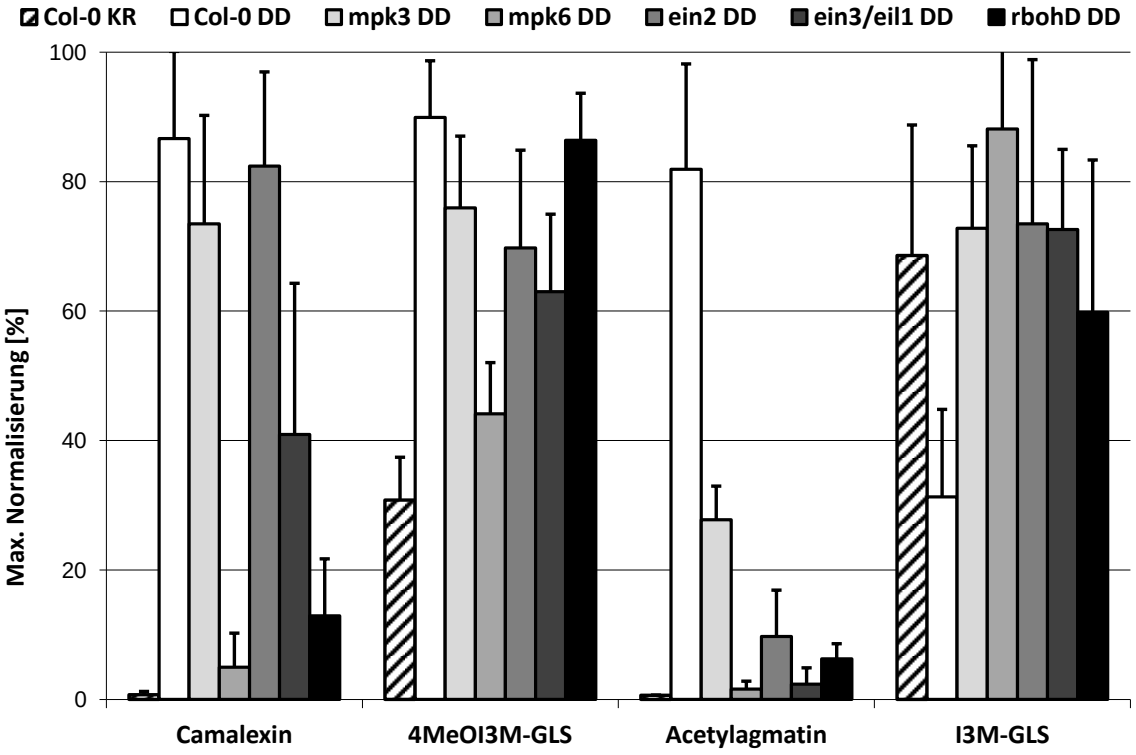


Abbildung 3.21: Mutanten-Hintergrund beeinflusst die metabolische Modulation. Die Maximum-normalisierten Werte wurden zu einem Mittelwert verrechnet. Im Fall von Camalexin und 4MeOI3M-GLS wurden die Einzelwerte aus dem positiven Modus, dem negativen Modus und dessen Verdünnung genutzt (neun Werte pro Metabolit), für Acetylagmatin wurde im positiven Modus gemessen (drei Werte), für I3M GLS wurde der negative Modus mit Verdünnung genutzt (sechs Werte). Je Modus und Metabolit wurde über alle Linien Max.-normalisiert. Die Prozentigkeiten der Modi wurden gemittelt. Die Proben wurden 24 Stunden nach DEX-Behandlung in drei biologischen Experimenten gesammelt. Außer 4MeOI3M-GLS und I3M-GLS waren die beiden anderen Metabolite in Col-0 KR nur in geringem Maßstab vorhanden. Die Reaktion der Mutanten auf Phosphorylierung von MPK3/6 unterschied sich signifikant.

von 4MeOI3M-GLS in den Mutanten ähnlich Col-0 DD. Camalexin konnte in *mpk3* DD und *ein2* DD dem in Col-0 DD ähnlich nachgewiesen werden, in *ein3/eil1* DD war der Metabolit auf circa 50% reduziert, bei *mpk6* DD und *rbohD* DD auf circa 10%. Die stärkste Reduktion war bei Acetylagmatin zu finden, dessen Abundanz in *mpk3* DD um mehr als die Hälfte verringert wurde. Die anderen Mutanten enthielten 10% und weniger Acetylagmatin als Col-0 DD, wobei *mpk6* DD mit circa 2% am niedrigsten lag und sich somit auf Col-0 KR-Niveau befand. Die Abundanz von I3M-GLS (Indol-3-ylmethyl Glucosinolat) wiederum ging in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR zurück. In den Mutanten entsprach es Col-0 KR.
Die Phosphorylierung von MPK3/6 verursacht nicht nur umfassende Änderungen des Proteoms sondern auch des Metaboloms. Insbesondere die Camalexin-Synthese und der Stoffwechsel indolischer Glucosinolate wurden stark beeinflusst.

3.3 Anwendung der PAPE mit den Transformanten-Linien zur Identifikation neuer MPK3/6 Zielproteine

Die für diese Arbeit neu entwickelte Methode zur Phosphoprotein-Anreicherung - PAPE - wurde auf das in Kapitel 3.2 vorgestellte Pflanzensystem angewendet. Dies sollte einen neuen Einblick in putative Substrate der MPK3 und 6 ermöglichen. Dafür wurde Pflanzenmaterial aller Linien sechs Wochen angezogen und anschließend mit DEX besprüht. Dieses Experiment wurde dreimal durchgeführt. Die mit PAPE aufgearbeiteten Proben wurden massenspektrometrisch analysiert. Dafür wurden 4 µg verdautes Protein jeder Probe im Duplikat gemessen. Die anschließende Auswertung erfolgte mit Progenesis LC-MS, bei der nur Proteine zugelassen wurden, die einen *p-value* kleiner 0,05 hatten und sich im Vergleich mindestens um das zweifache veränderten. Dabei wurde zunächst Col-0 DD mit Col-0 KR verglichen. Jeweils zu den entsprechenden Zeitpunkten: 4h, 5h, 7h, 8h. Diese Analysen stellten das Kernexperiment dieser Arbeit dar. Dabei sollten in Col-0 DD durch DEX-Behandlung phosphorylierte Proteine angereichert werden, die in Col-0 KR nicht auftauchen sollten oder in einem geringeren Maßstab. Von den Mutanten konnte *mpk3* DD 4h mit Col-0 DD/KR 4h und *mpk6* DD 8h mit Col-0 DD/KR 7-8h verglichen werden. Die weiteren Mutanten konnten hier noch nicht bearbeitet werden.

3.3.1 Vergleich der DEX-behandelten Linien Col-0 DD/KR auf Basis von massenspektrometrischen Analysen

Im Kernexperiment konnten für alle Zeitpunkte signifikante Unterschiede in der Abundanz verschiedener Proteine gefunden werden (Abb. 3.22). So wiesen zu frühen Zeitpunkten weniger Proteine eine veränderte Abundanz auf als zu späteren Zeitpunkten (Abb. 3.22 A). Ca. 150

Proteine zeigten bei vier Stunden eine Änderung bis hin zu reichlich 700 Proteinen in den späten acht Stunden. Hierbei gab es einen Sprung von 350 Proteinen bei sieben Stunden innerhalb einer Stunde auf 700 Proteine bei acht Stunden. Bei diesen Zahlen handelt es sich um sowohl angereicherte als auch abgereicherte Proteine in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR. Werden nur die angereicherten Proteine betrachtet, so hatten diese einen Anteil von ca. 50% der in ihrer Abundanz veränderten Proteine und nahmen dementsprechend den gleichen, zeitlichen Verlauf.
Ebenfalls interessant war die Differenziertheit der Proteinzusammensetzung angereicherter Proteine zwischen den einzelnen Zeiten (Abb. 3.22 B). Nur ein sehr geringer Prozentsatz war identisch, wobei sich die beiden späteren Zeitpunkte am ähnlichsten darstellten. Im zeitlichen Verlauf wird die Zusammensetzung ähnlicher, wobei die beiden frühen Zeitpunkte sich am meisten unterscheiden. Ca. 50% der Proteine der einzelnen Zeiten waren einzigartig in dem jeweiligen Zeitpunkt auffindbar. Insgesamt waren nur sieben Proteine zu allen Zeitpunkten identisch.

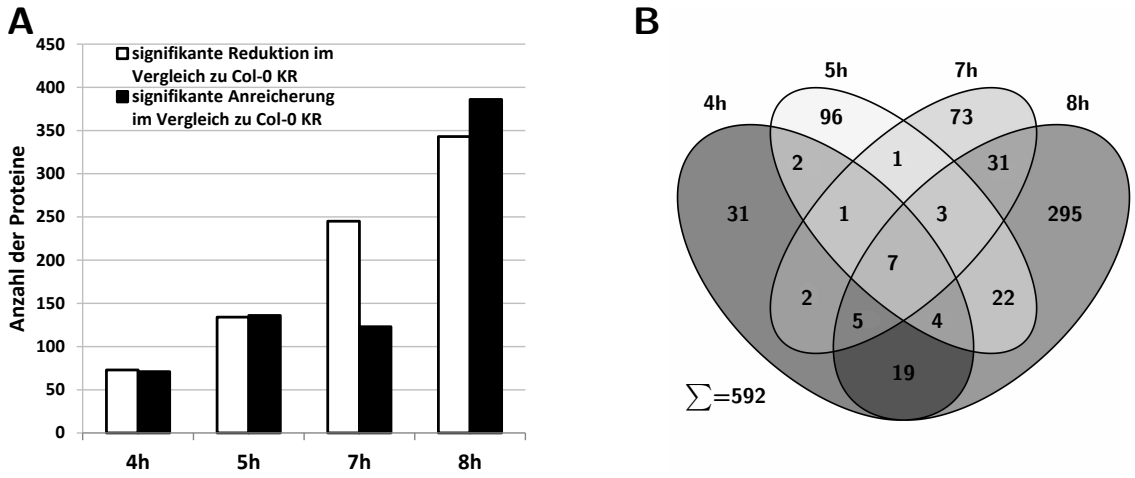


Abbildung 3.22: PAPE-Proteinzusammensetzung verschiedener Zeitpunkte des Kernexperiments. Sechs Wochen alte Pflanzen wurden mit DEX besprüht, zu den entsprechenden Zeiten geerntet und nach PAPE mit MS analysiert und Progenesis LC-MS ausgewertet. **A.** Anzahl der Proteine, die eine signifikante Anreicherung bzw. Reduktion der Abundanz im Vergleich zu Col-0 KR nach PAPE hatten. Die Anzahl der Proteine mit reduzierter Abundanz im Vergleich zu Col-0 KR (weiße Balken) steigt ebenso wie die mit höherer Abundanz (schwarze Balken). **B.** Verteilung der im Vergleich zu Col-0 KR angereicherten Proteine in den verschiedenen Zeitpunkten. Das Venn-Diagramm zeigte meistens einzigartige Proteine in den Zeitpunkten. Die zwei späteren Zeiten schienen sich ähnlicher zu sein.

Die Auflistung der Proteine zu den einzelnen Zeitpunkten befindet sich im Anhang (Tab. B.13 bis B.16). Diese enthalten ebenfalls die Auflistung aller Proteine, die in den jeweiligen Zeitexperimenten in allen Proben und Messungen gefunden werden konnten (4h, 2733; 5h, 2264; 7h, 2621; 8h, 2596). Außerdem wurde von allen differentiell angereicherten Proteinen die Aminosäuresequenz nach putativen MAPK-Phosphorylierungsstellen überprüft. Die Anzahl der SP- und TP-Motive ist in den Tabellen im Anhang vermerkt (Tab. B.13 bis B.16). Proteine, die

keines dieser Motive tragen wurden grau markiert. In Tab. 3.4 sind einige der interessanten Proteine dargestellt. Darunter befinden sich einige WRKY-Transkriptionsfaktoren, die mindestens zweifach bis zu 100-mal höher angereichert in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR vorlagen. Ebenfalls in der Abundanz verändert zeigten sich PEN2/3/4, wenngleich nur bis zu fünffach. Zu allen Zeitpunkten verändert konnte bspw. ein VQ-Motiv enthaltendes Protein (VQ4) nachgewiesen werden. Diverse GSTFs sowie weitere Proteine (PAD3, PHYTOALEXIN-DEFICIENT 3; CYP71A13, CYTOCHROM P450 71A13; TZF7, TANDEM-ZINC FINGER 7) tauchten vereinzelt auf. Unregelmäßig verhielt sich NIA2, welches zu den mittleren Zeiten in Col-0 KR abundanter war.

Tabelle 3.4: Putative MPK3/6-Substrate. Die Tabelle stellt einen Auszug aus den Tabellen B.13 bis B.16 des Anhangs dar. ANOVA (P), *p-value* berechnet durch Progenesis LC-MS; Max f change; *maximum fold change*; Conf score, *confidence score*.

Proteincode	Beschreibung	Zeitpunkt	Anova (p)	Max f change	Conf score
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	4h	6.33E-08	19.40	124
		4-6h	7.24E-07	2.88	122
		6-7h	1.22E-04	14.01	174
		7-8h	1.33E-05	10.93	311
AT1G13960.1	WRKY4	4h	5.56E-04	3.07	128
		4-6h	-	-	-
		6-7h	2.66E-03	2.15	26
		7-8h	1.33E-03	3.45	27
AT1G62300.1	ATWRKY6	4h	1.82E-03	23.72	91
		4-6h	-	-	-
		6-7h	4.63E-06	37.96	125
		7-8h	2.99E-04	10.76	279
AT5G24110.1	ATWRKY30	4h	1.19E-06	98.47	63
		4-6h	7.82E-06	20.81	94
		6-7h	1.64E-11	70.55	118
		7-8h	5.37E-06	9.47	267
AT2G38470.1	ATWRKY33	4h	1.56E-04	4.64	161
		4-6h	-	-	-
		6-7h	1.32E-07	4.23	423
		7-8h	3.83E-06	9.53	469
AT1G80840.1	ATWRKY40	4h	2.55E-05	29.78	34
		4-6h	-	-	-
		6-7h	-	-	-
		7-8h	1.21E-06	12.89	65

Proteincode	Beschreibung	Zeitpunkt	Anova (p)	Max f change	Conf score
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	1.68E-02	5.31	32
		7-8h	-	-	-
AT1G59870.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ATABCG36	4h	7.76E-03	0.41	41
		4-6h	-	-	-
		6-7h	1.76E-04	2.48	625
		7-8h	8.25E-05	3.30	937
AT5G44070.1	CAD1, ARA8, ATPCS1	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	1.49E-04	2.27	72
		7-8h	2.70E-02	2.39	24
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	3.51E-03	2.16	123
		7-8h	1.29E-03	2.79	236
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3	4h	1.83E-06	2.82	37
		4-6h	-	-	-
		6-7h	-	-	-
		7-8h	6.16E-06	16.72	419
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, ATGST11	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	1.08E-12	18.00	136
		7-8h	7.43E-05	8.91	345
AT3G26830.1	PAD3, CYP71B15	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	-	-	-
		7-8h	3.65E-06	9.72	95
AT2G30770.1	CYP71A13	4h	-	-	-
		4-6h	-	-	-
		6-7h	-	-	-
		7-8h	2.26E-03	3.43	109
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein	4h	4.74E-05	2.80	102
		4-6h	-	-	-
		6-7h	-	-	-
		7-8h	9.74E-03	2.87	84
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2	4h	5.68E-04	2.55	85
		4-6h	6.47E-03	0.35	654
		6-7h	2.14E-02	0.35	338
		7-8h	4.99E-03	3.43	1113

Einige der in dem 4h-Experiment gefundenen Proteine konnten zu einem Netzwerk aus Proteinverbindungen zusammengestellt werden. Dafür wurden die hochregulierten Proteine (71) mit STRING 9.05 analysiert. Dabei wurden alle Verbindungen mit *High confidence* (0,7) zugelassen. Zusätzlich wurden weitere Proteine eingefügt, die nicht in der ursprünglichen Liste enthalten waren (grauer Rahmen, Abb. 3.23). Insgesamt konnten mit diesem Sicherheitswert nur 20 der 71 Proteine in einem Netzwerk organisiert werden (roter Rahmen, Abb. 3.23). Die zusätzlichen Proteine vervollständigen dabei das Netzwerk. WRKY30/40 bspw. wurden ergänzt durch MAPKs und weitere WRKY-Transkriptionsfaktoren. CUL4 (CULLIN 4) konnte in einem großen Netzwerk mit PHOT1 (PHOTOTROPIN 1) sowie GRF8 (GROWTH-REGULATING FACTOR 8) und NIA2 verbunden werden. ATPase-Untereinheiten und Chloroplasten-Proteine wurden mit Metabolismus-Proteinen wie DXR (1-DEOXY-D-XYLULOSE-5-PHOSPHATASE REDUCTOISOMERASE) und SBPase (SEDOHEPTULOSE-1,7-BISPHOSPHATASE) vernetzt.

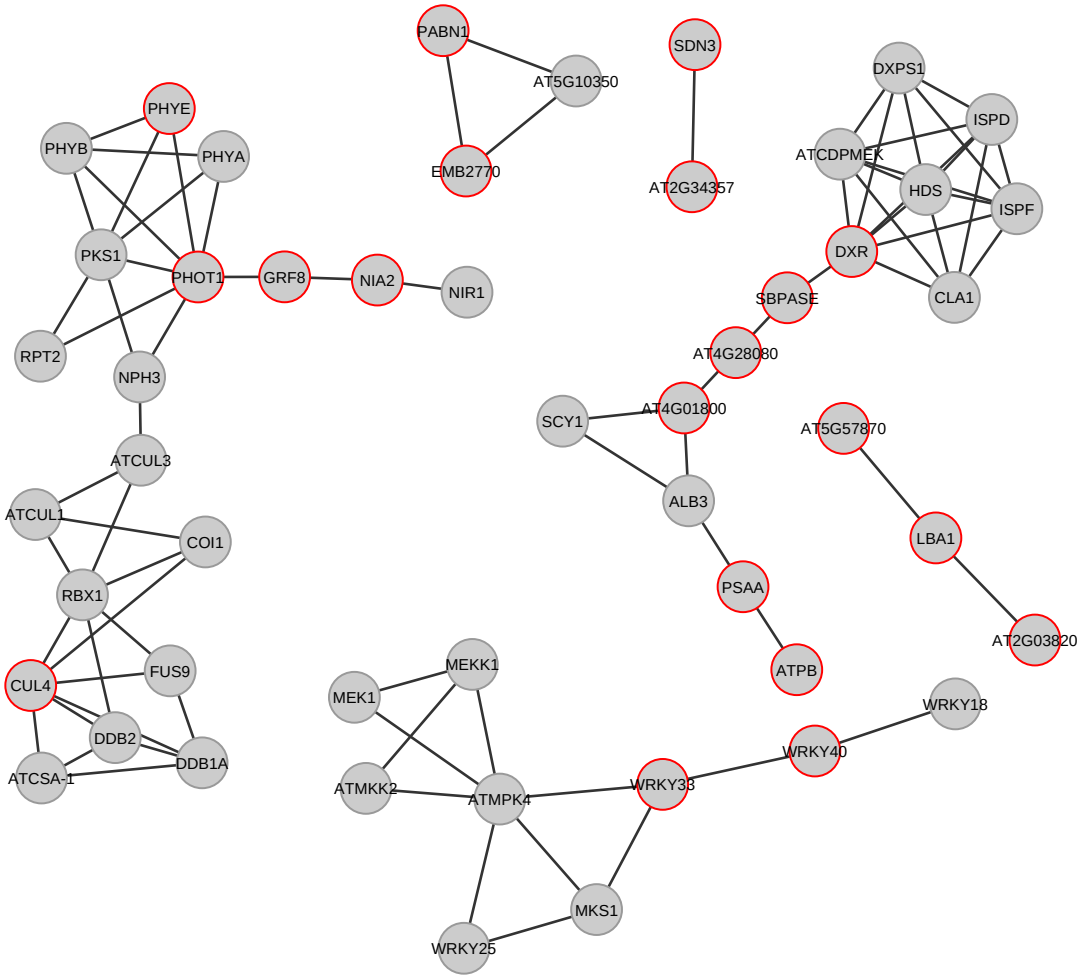


Abbildung 3.23: Netzwerk-Analyse der hochregulierten Proteine nach vier Stunden. Die Daten wurden mit STRING 9.05 erstellt und mit Cytoscape (Shannon *et al.*, 2003) visualisiert. Dabei wurden alle Verbindungen mit *High confidence* (0,7) zugelassen. Außerdem wurden weitere Proteine eingefügt, die nicht in der ursprünglichen Liste enthalten waren (grauer Rahmen).

3.3.2 Vergleich der DEX-behandelten Linien *mpk3* DD und *mpk6* DD auf Basis von massenspektrometrischen Analysen

Zusätzlich zum im vorhergehenden Kapitel beschriebenen Kernexperiment wurden zwei MAPK-Mutanten PAPE unterzogen. Das experimentelle Vorgehen gleicht diesem, wobei parallel zu den Mutanten allerdings keine Kontrolle (*mpk3* KR bzw. *mpk6* KR) geführt wurde. Der Vergleich sollte in Progenesis LC-MS mit dem Kernexperiment erfolgen. Differentielle Anreicherung von putativen Phosphoproteinen in den Mutanten verglichen mit dem Kernexperiment sollte Aufschluss über unterschiedliche Substrate von MPK3 und MPK6 geben. Da zum Zeitpunkt der Durchführung des Experimentes die Induktionszeitpunkte aus dem Immunoblot für cMyc,

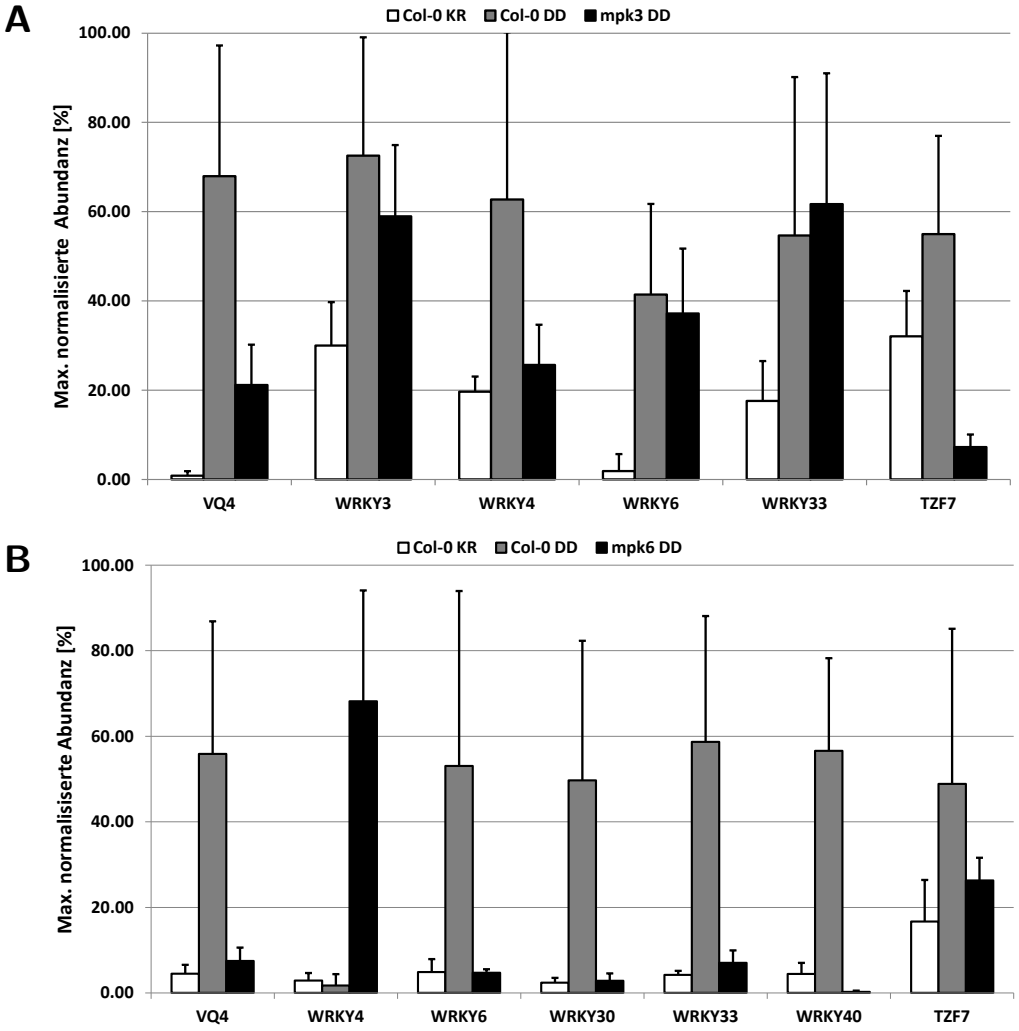


Abbildung 3.24: Differentielle, putative Phosphoproteine in *mpk3* DD und *mpk6* DD im Vergleich zum Kernexperiment. A. *mpk3* DD wurde mit dem Kernexperiment vier Stunden nach DEX-Behandlung verglichen. Einige der WRKYs zeigten eine Wildtyp-ähnliche Anreicherung. **B.** *mpk6* DD wurde mit dem Kernexperiment 8 Stunden nach DEX-Behandlung verglichen. Außer WRKY4 sind alle WRKYs auf Col-0 KR-Niveau. Balken stellen Mittelwerte mit Standardabweichung aus sechs Replikaten dar.

nicht TEY, entnommen wurden, konnte für die Mutanten keine einheitliche Erntezeit genutzt werden. Die spätere Auswertung des TEY-Immunoblots und damit der Phosphorylierung zeigte einen identischen Beginn, weswegen die Mutanten entsprechend ihres Zeitpunktes mit dem Kernexperiment verglichen werden mussten.
Die *mpk3* DD-Mutante wurde mit dem Kernexperiment vier Stunden nach DEX-Behandlung verglichen (Abb. 3.24 A, Tab. B.17). Die *mpk6* DD-Mutante wurde mit dem Kernexperiment 8h Stunden nach DEX-Behandlung verglichen (Abb. 3.24 B, Abb. 3.25, Tab. B.18). Die beiden Mutanten verhielten sich unterschiedlich. In *mpk3* DD hatten die Proteine WRKY3, 6 und 33 gleiche Abundanzen wie in Col-0 DD. In *mpk6* DD dagegen zeigten WRKY 6, 33 sowie 30 und 40 Abundanzen, die Col-0 KR entsprachen. VQ4 (AT1G28280) sowie TZF7 (AT2G41900) waren in beiden Mutanten von niedrigerer Abundanz als in Col-0 DD, wobei VQ4 in *mpk3* DD noch ca. 30% Abundanz von Col-0 DD hatte und in *mpk6*DD auf Col-0 KR-Niveau lag. Interessant stellte sich WRKY4 in *mpk6* DD dar, dass hier weit über der Abundanz von Col-0 DD und Col-0 KR lag. Für die in die Biosynthese von Camalexin und Glucosinolaten involvierten Proteine PAD3, CYP71A13, PEN2 und PEN3 konnte ebenfalls gezeigt werden, dass diese in der *mpk6* DD-Mutante genauso stark angereichert wurden wie in Col-0 KR. Im Durchschnitt entspachen diese etwa 15-50% von Col-0 KR.

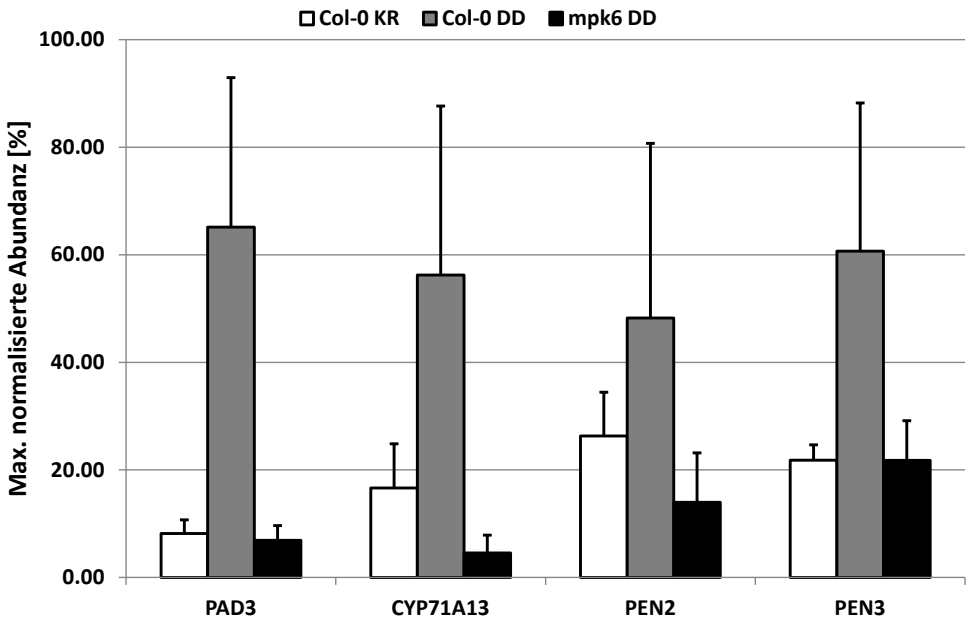


Abbildung 3.25: Putative Substrate von MPK6 aus der Camalexin- und Glucosinolat-Biosynthese. *mpk6* DD wurde mit dem Kernexperiment 8 Stunden nach DEX verglichen. Balken stellen Mittelwerte mit Standardabweichung aus sechs Replikaten dar.

3.3.3 Untersuchung potentieller MPK3/6 Ziele in Bezug auf das Vorhandensein geeigneter Phosphorylierungsstellen

Die vorhergehenden Analysen beruhten auf dem Umstand, dass in den Pflanzen mit aktivem MKK5-Protein Proteine phosphoryliert werden, die mit anschließender PAPE angereichert werden sollten. Im Vergleich dazu sollten die gleichen Proteine in Col-0 KR nicht oder zumindest weniger angereichert werden. Zusätzlich zu dieser Abundanz-Analyse können detektierte Phosphorylierungen auch direkt verglichen werden.
Dafür wurden alle MS-Messungen innerhalb eines Zeitpunktes und einer Mutante mit Proteome Discoverer 1.4 zu einer Datei (*.msf) vereinigt, so dass dies ein Gesamtbild des einzelnen Zustandes widerspiegelte. Danach wurden alle Mutanten, Col-0 DD und Col-0 KR zu allen Zeitpunkten gegenübergestellt. Alle Peptide, die eine Phosphorylierung als Modifikation trugen, wurden in Tab. B.19 aufgelistet. Als Gesamtsumme ergaben sich so fast 3000 detektierte Phosphopeptide (Abb. 3.26) mit einem *q-value* kleiner 0,05 (berechnet in Proteome Discoverer als minimale *false discovery rate*, bei der die Identifikation als korrekt gilt). In jedem zeitlichen Einzelexperiment konnten ca. 1000 Phosphopeptide detektiert werden. Für die Mutanten *mpk3* DD und *mpk6* DD konnten um die 500 Peptide nachgewiesen werden.
MAPKs phosphorylieren an den Aminosäure-Motiven SP/TP, weswegen innerhalb aller Phosphorylierungen explizit nach diesen gesucht wurde. Dafür wurden auch hier alle MS-Messungen innerhalb eines Zeitpunktes und einer Mutante mit Proteome Discoverer 1.4 zu einer Datei

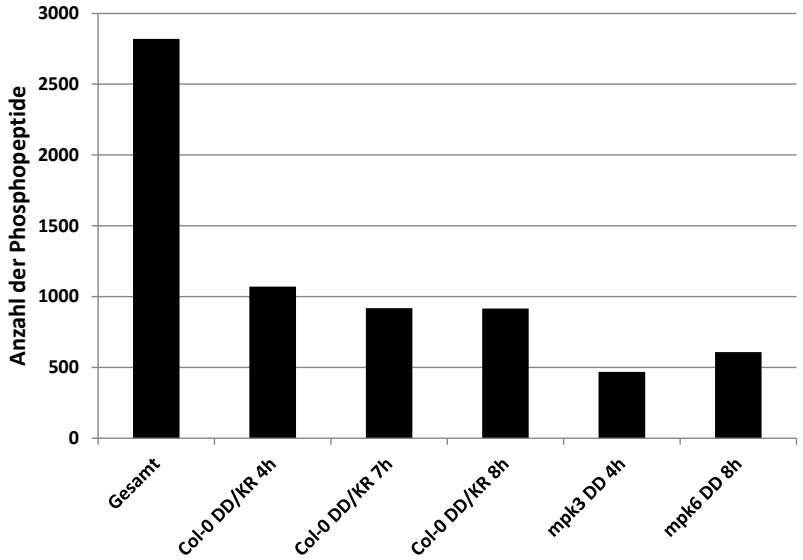


Abbildung 3.26: Anzahl der Phosphopeptide der einzelnen Experimente. Es wurden alle MS-Messungen innerhalb eines Zeitpunktes und einer Mutante mit Proteome Discoverer 1.4 zu einer Datei (*.msf) vereinigt, so dass dies ein Gesamtbild des einzelnen Zustandes widerspiegelte. Danach wurden alle Mutanten, Col-0 DD und Col-0 KR zu allen Zeitpunkten gegenübergestellt. Alle Peptide, die eine Phosphorylierung als Modifikation trugen, wurden in Tab. B.19 aufgelistet. Die Abbildung verdeutlicht die Anzahl der Phosphopeptide in den einzelnen Proben. Insgesamt konnten fast 3000 Phosphopeptide nachgewiesen werden.

(*.msf) vereinigt, so dass dies ein Gesamtbild des Zustands widerspiegelte. Danach wurden je Zeitpunkt Col-0 DD mit Col-0 KR und die Mutanten mit Col-0 DD sowie Col-0 KR verglichen. Dabei konnten zahlreiche SP/TP phosphorylierte Motive gefunden werden, die in Col-0 DD nicht jedoch in Col-0 KR auftraten (Tab. B.20). Exemplarisch sind hier einige dieser Peptide und ihr Vorhandensein dargestellt. Außerdem sind einige Peptide gelistet, die ebenfalls in Col-0 KR phosphoryliert vorlagen (Tab. B.19). Aus der Menge an Daten wurden fünf Proteine ausgewählt, die nach Auswertung mit Progenesis LC-MS als putative MAPK-Substrate in Frage kamen (Abb. 3.27). Die Phosphorylierungsstellen waren in allen Fällen bevorzugt an einem SP-Motiv. Es zeigte sich, dass einige der MAPK-typischen Phosphorylierungsstellen be-

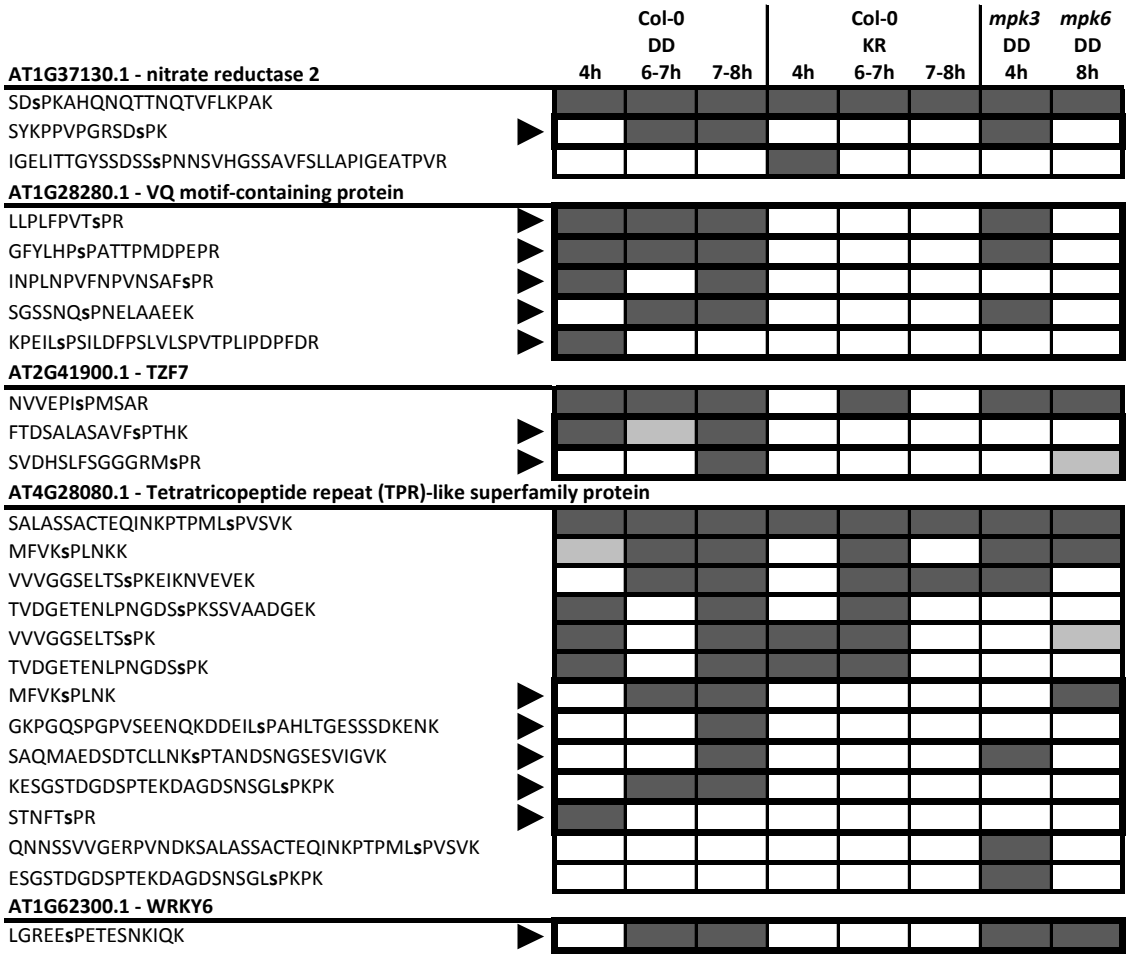


Abbildung 3.27: SP/TP-Phosphorylierung ausgewählter Proteine. Alle MS-Messungen innerhalb eines Zeitpunktes und einer Mutante wurden mit Proteome Discoverer 1.4 zu einer Datei (*.msf) vereinigt, so dass dies ein Gesamtbild des Zustands widerspiegelte. Danach wurden je Zeitpunkt Col-0 DD mit Col-0 KR und die Mutanten mit Col-0 DD sowie Col-0 KR verglichen. Dabei konnten zahlreiche SP/TP phosphorylierte Motive gefunden werden, die in Col-0 DD nicht jedoch in Col-0 KR vorlagen (Tab. B.20). Exemplarisch sind hier einige dieser Peptide und ihr Vorhandensein dargestellt. Außerdem sind einige Peptide gelistet, die ebenfalls in der Kontrolle phosphoryliert waren (Tab. B.19). Dunkelgrau bedeutet dabei einen *q-value* kleiner 0,01 und hellgrau kleiner 0,05. Die Pfeile weisen auf Phosphorylierungsstellen hin, die nicht in Col-0 KR zu finden waren.

reits ohne explizite Aktivierung einer MAPK phosphoryliert vorlagen. Dies war der Fall für die Nitratreduktase 2 und ein TPR-ähnliches Protein. Viele der anderen Phosphopeptide traten erst nach Aktivierung von MPK3/6 auf. Für VQ4 wurden fünf Phosphopeptide nachgewiesen, wobei alle nicht in *mpk6* DD und zwei auch nicht in *mpk3* DD vorhanden waren. Ähnliche Unterschiede ließen sich für die weiteren vier Proteine zeigen. Tendenziell lag die fehlende Phosphorylierung in der *mpk6* DD-Mutante vor. Interessant war ebenfalls TZF7, welches zwei Phosphopeptide aufwies, die nur nach MPK3/6-Aktivierung zu finden waren. Da hier nicht in der Abundanz der Phosphopeptide unterschieden wurde, könnten Phosphopeptide, die in Col-0 KR enthalten waren, trotzdem nach MPK3/6-Aktivierung phosphoryliert worden sein.
Um die vorliegenden Daten über Phosphorylierungsstellen zu sichern, wurde von einigen der vorliegenden Phosphopeptide eine *Inclusion list* erstellt und diese für gezielte MS-Analysen eingesetzt (siehe *Instrument Method*, Liste C.8). Dafür wurde eine der Col-0 KR-Proben sowie jeweils eine Col-0 DD-Probe aus den verschiedenene Zeitpunkten genutzt. Besondere Aufmerksamkeit wurde hier auf die Erhöhung der PSMs (*peptide spectral match*) gelegt, die eine relative Quantifizierung einzelner Phosphopeptide innerhalb eines Proteins erlaubten. Im Allgemeinen konnte von allen gefundenen Peptiden der *Inclusion list* die Anzahl der PSMs erhöht werden, wobei diese sich aus der Summe der gezielten Messungen der vier Zeiten zusammen setzten. Bei allen Proteinen mit mehreren Phosphorylierungsstellen konnte gezeigt werden, dass es eine Stelle gibt die circa doppelt so viele PSMs aufwies (Tab. 3.5).
Dies war z.B. für VQ4 der Fall (Abb. 3.28). Eine im C-Terminus gelegene SP-Stelle wies die meisten PSMs auf (1657). Die anderen, rot markierten Stellen hatten jeweils 50% (769), 25% (362) bzw. 10% (168) dieser PSMs. Aus diesen Informationen lassen sich Rückschlüsse ziehen, bei welcher Phosphorylierungsstelle es sich um die wichtigste handelt bzw. ob mehrere Phosphorylierungen für eine vollständige Funktion notwendig sind.

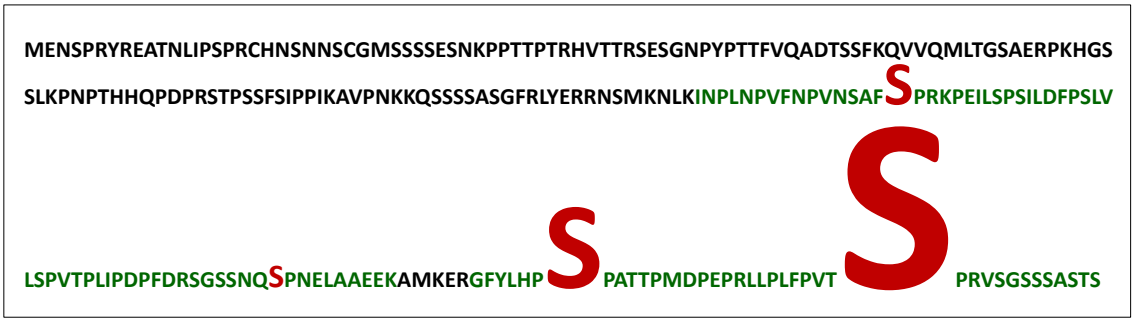


Abbildung 3.28: Häufigkeit der Phosphorylierungen in VQ4 (AT1G28280). Rot markiert sind die gefundenen Phosphorylierungen dieses Proteins. Die Größe veranschaulicht in etwa die Relation der PSMs zueinander (Tab. 3.5). Grün ist die Sequenzabdeckung.

Tabelle 3.5: Häufigkeit der Phosphorylierung von SP/TP in putativen Substraten nach einer „*Targeted*"-MS-Analyse. Für diese Ziel-gerichtete Analyse wurden die PAPE-Proben der verschiedenen Zeitpunkte genutzt.

Accession	Description	Sequence	MH+ [Da]	# PSMs	Modifications	pRS Score	IonScore control	IonScore 4h	IonScore 4-6h	IonScore 6-7h	IonScore 7-8h
AT4G38550.1	PEARLI 4 family	NSSPP**S**PLHPAASH**S**PPPPQPYR	2578.12296	2852	S6; S15	58	-	32		43	56
		NSSPPSPLHPAASH**S**PPPPQPYR	2498.15128	777	S15	49	-			42	65
		STPGSPAHPPGARSPPPSYLSNK	2462.08756	669	S1; T2	52	-	27		31	34
		NS**S**PP**S**PFHPAAYK	1659.65691	199	S3; S6	92	-				44
		SNHGKEQIEDFYEQDDDV**T**PR	2602.06693	171	T19	134	-				83
		MEAMSYEPETNAPS**S**PYHPAGNR	2616.05472	60	S15	81	-				52
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat	SALASSACTEQINKPTPML**S**PVSVK	2696.30051	833	S20	68	-	55		65	72
		VVVGGSELTS**S**PKEIKNVEVEK	2408.22928	492	S11	39	-				62
		TVDGETENLPNGDS**S**PKSSVAADGEK	2684.15677	129	S14	73	-	30			64
		MFVK**S**PLNKK	1271.65830	55	S5	75	-	26		28	30
		MFVK**S**PLNK	1143.56120	6	S5	104	-				30
AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	LLPLFPVT**S**PR	1319.71318	1657	S9	129	-	45		45	49
		GFYLHP**S**PATTPMDPEPR	2092.91086	769	S7	108	-	46		34	47
		INPLNPVFNPVNSAF**S**PR	2063.01714	362	S16	167	-	62	85		87
		SGSSNQ**S**PNELAAEEK	1727.70293	168	S7	119	-			67	54
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein	FTDSALASAVF**S**PTHK	1758.81168	172	S12	86	-	40			44
		NVVEPI**S**PMSAR	1379.63786	93	S7	77	-	25		15	35
		SLSSRELRTNS**S**PIVGSPVNNNTWSSK	2997.43960	6	S12	14	-				16
AT1G79280.1	nuclear pore anchor	VPSSTPLIK**S**PVATTQQLPK	2172.16605	42	S10	50	-			28	
		SPEKEEVQPETLATPTQ**S**PSR	2391.10508	20	S18	103	-				29
AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation	LRPK**S**PSSSLDDVEAK	1808.87546	41	S5	83	-	24			38
AT5G53440.1	unknown protein	DGRR**S**PDYQDYQDVITGSR	2307.99460	10	S5	74	-	40			
AT4G17720.1	RNA-binding family protein	VHLSE**S**PKAASSTQEAERESK	2351.08554	577	S6	98	-	37		54	54
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	GLFVDRGVG**S**PR	1339.65012	12	S10	38	-			18	
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SYKPPVPGRSD**S**PK	1594.76189	310	S12	89	-			22	28
AT1G62300.1	WRKY family transcription factor	LGREE**S**PETESNKIQK	1924.89969	446	S6	98	-			41	40
AT2G26570.1	unknown protein	FSGSPVS**T**G**T**PKNVDSHR	2032.85007	122	T8; T10	51	-			35	24
AT1G59710.1	unknown protein	FFRQESTDSLAVG**S**PPKSEGR	2375.10093	322	S14	82	-			47	35
AT2G20960.1	PEARLI 4 family	RSNTSDTRPR**T**PIHESAATGR	2390.13466	106	T11	49	-			20	34
AT2G20950.1	PEARLI 4 family	NRP**S**SPFHPSQSR**S**PPPHAR	2399.04946	211	S4; S14	35	-			24	23
AT4G38710.1	glycine-rich protein	TLPVAVVEVVKPE**S**PVLVIVEKPK	2649.52494	49	S14	44	-				58

4 Diskussion

Arabidopsis thaliana, als sessile Lebensform, ist permanenten Stresseinwirkungen, ob abiotisch oder biotisch, ausgesetzt. Während der Evolution konnte sich ein umfangreiches, pflanzliches Abwehrsystem entwickeln. Als Teil davon lassen sich MAPK-Kaskaden betrachten, die über sukszessive Phosphorylierung Substrate aktivieren. Diese modulieren die Genexpression oder auch Aktivität und Lokalisation von Proteinen und tragen somit zur Formierung einer adäquaten Stressantwort bei. Der momentane Forschungsstandpunkt kennt allerdings nur wenige Substrate dieser MAPKs. Bekannt und zum Teil auch funktionell aufgeklärt sind bspw. VIP1, PHOS32, ACS6, NIA2, WRKY33 und ERF104, die entweder durch MPK3 und/oder 6 direkt phosphoryliert werden. Ziel dieser Arbeit war es weitere, putative Substrate zu identifizieren. Das Ausnutzen der posttranslationalen Modifikation Phosphorylierung spielt hierbei eine zentrale Rolle. Der Umstand, dass MPK3/6 ihre Zielproteine mit einer Phosphorylierung versehen, kann in einem Proteomics-basierten Ansatz genutzt werden. Da im Bereich der Anreicherung von vor allem Phosphoproteinen nur wenige Methoden verfügbar sind, wurde eine bereits bestehende Methode aufgegriffen und deren Effizienz gesteigert. Die finalisierte Methode wurde auf Pflanzen mit artifiziell ausgelöster MAPK-Aktivierung angewendet.

4.1 Einfluss des aktiven MKK5 Proteins in *Arabidopsis thaliana*

4.1.1 Phänotypische Auswirkungen der Aktivierung von MKK5

Um genaue Daten über Zielproteine von MAPKs und damit ein besseres Verständnis der Pathogenabwehr in Pflanzen zu erhalten, wurde ein Pflanzensystem etabliert. Dafür wurden in Wildtyp und verschiedenen Mutanten (Abb. 4.1) von *Arabidopsis thaliana* Pflanzen eine MAP2K aus *Petroselinum crispum* (MKK5) transformiert, die entweder konstitutiv aktiv (DD) oder inaktiv (KR) vorliegt. Die Ähnlichkeit der *Pc*MKK5 zur *At*MKK5 beträgt 84% (Lee *et al.*, 2004). Diese phosphoryliert ausschließlich MPK3/6 nicht aber MPK4 (Bethke *et al.*, 2009b). In anderen Studien mit *Nt*MEK2 aus *Nicotiana tabacum* konnte gezeigt werden, dass dieses Vorgehen funktionell ist (Mao *et al.*, 2011; Hoehenwarter *et al.*, 2013). Die *Pc*MKK5 konnte nachgewiesen und MPK3/6 aktiviert werden. Für die später diskutierte Phosphoproteom-Analyse war der genaue Zeitpunkt der Proteinexpression von MKK5 bzw. der Aktivierung von MPK3/6 unerlässlich. Im natürlichen System kann bereits wenige Minuten nach Inokulation mit flg22 eine Aktivierung von MPK3/6 nachgewiesen werden (Asai *et al.*, 2002). Dies bedeutet wiederum, dass ebenfalls wenige Augenblicke später die Substrate dieser MAPKs phosphoryliert vorliegen. Zu späteren Zeitpunkten kann davon ausgegangen werden, dass Phosphorylierungen zweiten oder höheren Grades auftreten, die nicht direkt mit MPK3/6 gekoppelt sind. Zur Bestimmung eines exakten Zeitpunktes wurden alle Pflanzen; Col-0 DD, Col-0 KR und die Mu-

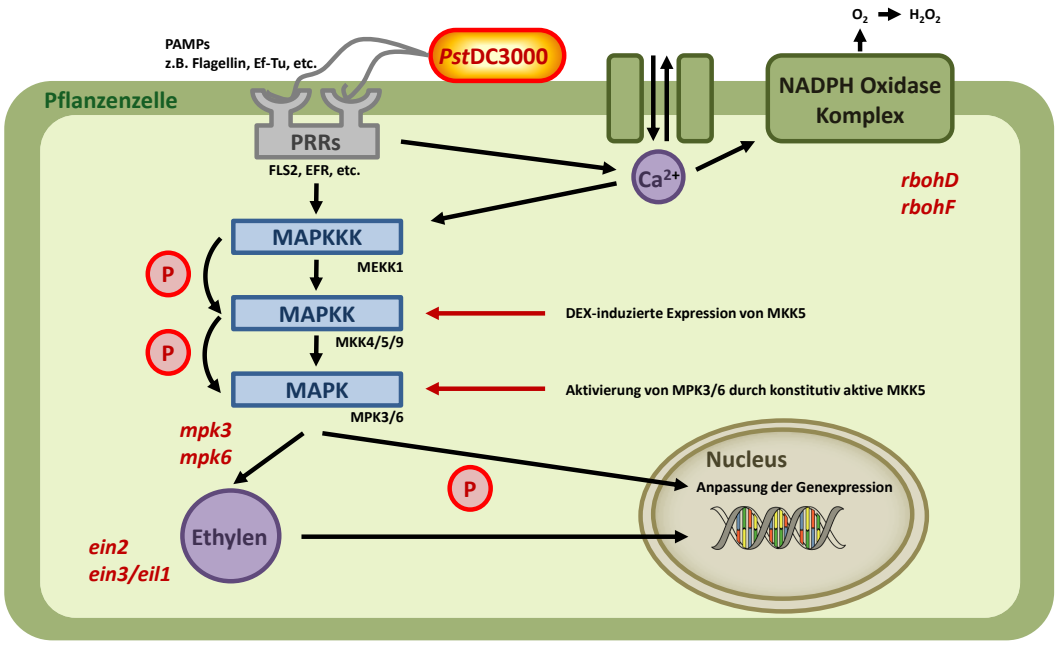


Abbildung 4.1: Einordnung der Transformanten-Linien innerhalb des MAPK-Signalweges. Die DEX-induzierte Expression der MKK5 führt innerhalb des Signalweges zu einer Aktivierung der MPK 3 und 6 durch Phosphorylierung. Die Phosphorylierung findet dabei nur bei der DD-Variante der MKK5 statt, da es sich bei der KR-Variante um eine Kinase-tote Mutante handelt. Des Weiteren sind die verwendeten Mutanten in ihrem Kontext eingeordnet dargestellt (rot).

tanten; in einem Zeitprofil von 0 bis 24 Stunden analysiert. Col-0 KR zeigte erwartungsgemäß, dass das inaktive MKK5-Protein keine Phosphorylierung von MPK3/6 verursacht (Abb. 3.12). Col-0 DD mit Expression des aktiven MKK5-Proteins dagegen wies deutlich diese Phosphorylierung auf. Wie erwartet fehlte die Phosphorylierung von MPK6 in *mpk6* DD, analog fehlte die Phosphorylierung der MPK3 in der entsprechenden Mutante. Leider konnte phosphorylierte MPK3 in *mpk6* DD nur in einem Zeitpunkt gezeigt werden. Die meisten der Phosphorylierungen beginnen bei ca. vier Stunden, die in *mpk3* DD erfolgte schneller, bei *ein2* DD, *ein3/eil1* DD und *rbohD* DD ließ sich die Phosphorylierung vermuten, wurde aber erst später ausgeprägter. Die Abwesenheit von MPK3 könnte dazu führen, dass im Vergleich zu Col-0 DD mehr MPK6-Protein phosphoryliert wird und deshalb im Immunoblot eher sichtbar erscheint. Bei *rbohD* DD und *mpk6* DD regenerierten sich die toten Pflanzen nach einigen Tagen und bildeten neue Blätter (Abb. 3.11). Vermutlich fehlt hier die Phosphorylierung einiger Komponenten, die den Zelltod in der gesamten Pflanze verursachen.

Die Bestimmung der Erntezeitpunkte für die Phosphoproteom-Analyse erfolgte auf Basis der Immunblots für den Nachweis des MKK5-Proteins (Tab. 3.3, Abb. A.6). Diese stimmen nicht 100%ig mit denen zum Nachweis der Phosphorylierung von MPK3/6 überein. Deshalb wurde für die weiteren Betrachtungen angenommen, dass die verzögerten Phosphorylierungszeitpunkte nur wenige Auswirkungen auf die Analyse der Daten hatten. Limitationen dieser Vorgehensweise sowie der Methode im Allgemeinen werden in einem späteren Kapitel diskutiert (4.4).

4.1.2 Betrachtung des Proteomics-Profils hinsichtlich der MPK3/6-Aktivierung

Die quantitative Analyse der Daten, die durch Label-freie LC-MS-Analyse der drei Replikate von Col-0 DD über einen Zeitraum von 24 Stunden entstand, offenbarte signifikante Änderungen in der Proteinakkumulation verursacht durch die Aktivierung von MPK3/6. Von insgesamt 2200 detektierten Proteinen lagen 30% in ihrer Abundanz verändert vor, knapp 500 davon waren in Richtung des 24-Stunden-Wertes hochreguliert (Abb. 3.13, Abb. 3.14). Wird von diesen Zahlen auf das Gesamtproteom von *Arabidopsis* geschlossen, bedeutet dies, dass ca. 30% des Proteoms während abiotischem oder biotischem Stress sich im ständigen Umbau befinden. Von den in ihrer Abundanz veränderten Proteinen gehören 42% zu metabolischen Prozessen sowie zur Reaktion auf Stimuli und sind deutlich überrepräsentiert. Proteinnetzwerke stellten dabei deutlich die Veränderung im primären Metabolismus, der Translation, der Proteasomen, der Tryptophan-Synthese, der Glucosinolat-Biosynthese sowie bei den Glutathion-S-Transferasen heraus (Abb. 3.16). Erstaunlicherweise war die *mpk3* DD-Mutante diesem Muster sehr ähnlich, die Verbindungen der Translation fehlten jedoch vollständig. Der Abbau von Proteinen scheint also nicht beeinträchtigt, jedoch könnte der Aufbau von Proteinen durch MPK3 beeinflusst werden. Für *mpk6* DD konnten keine Verbindungen erstellt werden, da hier so wenige Proteine ähnlich Col-0 KR eine Änderung der Abundanz aufwiesen. Vielleicht ist MPK6 der bevorzugte Weg zur Substratphosphorylierung und MPK3 kann nicht die vollständige Funktion übernehmen. Außerdem scheint MPK6 stärker durch Phosphorylierung aktiviert zu werden.
205 der ca. 600 in der Abundanz veränderten Proteine über Zeit konnten dem biotischen Stress zugeordnet werden (Abb. 4.2). Die Bildung reaktiver Sauerstoffspezies (ROS) ist eine der frühesten, zellulären Reaktionen, die einem Pathogenbefall folgen. Die Col-0 DD Pflanzen zeigten ROS-Akkumulation (Abb. A.7). Viele ROS-fangende Enzyme wie Ascorbatperoxidasen, Catalasen und Glutathion halten die ROS-Homöostasis im Gleichgewicht (Mittler *et al.*, 2004). Diese Enzyme können die ROS-abhängige Signaltransduktion einstellen und ROS-abhängigen Schaden verhindern. Hier wurden bspw. die APX1 (Ascorbatperoxidase), SAPX (Stomata APX), GPX2/6 (Glutathion PX), TPX1/2 (Thioredoxin PX), CAT1 (Catalase), GR1 (Glutathion-disulfid Reduktase) sowie weitere Proteine gefunden (Abb. 4.2). Alle genannten lagen in ihrer Abundanz hochreguliert vor. Nach Verwundung kann die Abwesenheit von APX1 zu oxidativen Schäden am Chloroplasten und dem Nukleus führen (Maruta *et al.*, 2012). APX1 ist außerdem ein Schlüsselregulator der Anpassung der Pflanze an eine Kombination aus Trocken- und Hitzestress (Koussevitzky *et al.*, 2008). In *mpk3* DD sind wie in Col-0 DD die gleichen Peroxidasen in der Abundanz hochreguliert (Tab. B.5, B.6), durch MPK6-Aktiverung ausgelöste ROS-Akkumulation wird so eingedämmt. Neben der Haupt-NADPH-Oxidase RBOHD liegen in Chloroplasten Proteine vor, die nach DEX-induzierter Aktivierung von NtMEK2 Licht-abhängig ROS produzieren und somit zum Zelltod beitragen (Liu *et al.*, 2007). In *mpk6* DD, ähnlich *rbohD* DD, liegen Peroxidasen unverändert vor. Mangelnde ROS-Produktion könnte eine Ursache sein, wodurch eine Abundanzerhöhung ROS-abfangender En-

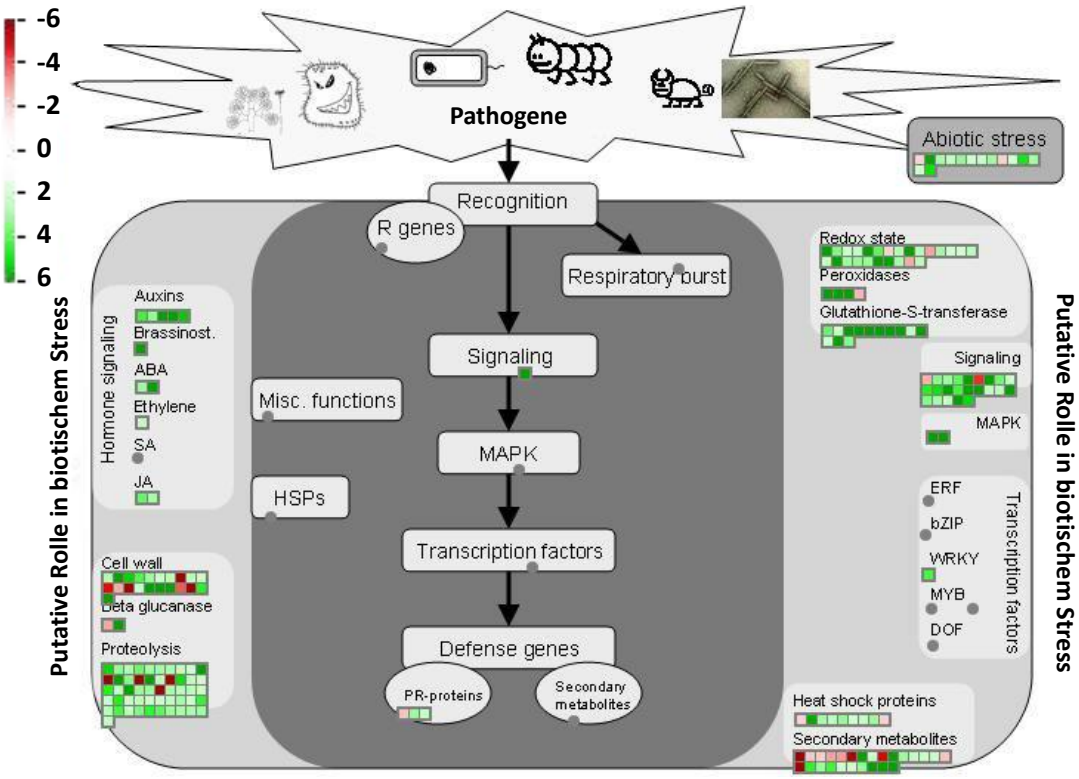


Abbildung 4.2: Biotischem Stress zugeordnete, veränderte Proteine nach MPK3/6-Aktivierung. Hoch- und herunterregulierte Proteine aus dem Col-0 DD nach MPK3/6-Aktivierung wurden mit MapMan analysiert und Funktionsclustern zugeordnet. Grün zeigen hochregulierte Proteine und rot herunterregulierte Proteine an. Je stärker die Farbe desto größer war die Änderung. Grauen Punkten konnten keine Proteine zugeordnet werden. Aufschlüsselung der Proteine in Tab. B.21.

zyme nicht benötigt würde.

In ihrer Rolle als physikalische Barriere zwischen Umwelt und Zellinnerem treten Modifikationen der Zellwand als Anpassung auf eine Abwehrantwort auf (Vorwerk *et al.*, 2004). Die meisten der hier vertretenen Proteine waren zu 24 Stunden hin hochreguliert (Abb. 3.14). Die meisten Enzyme sind an der Vorläufer-Synthese beteiligt, nur wenige an der Degradation. Eine Pektinacetylesterase, Pektinesterase sowie Pektinase sind vermutlich am Abbau von Pektin beteiligt. Pektine sind ein Hauptbestandteil der Mittellamelle und der primären Zellwand in Dicotyledonen und stellen etwa 30% des Trockengewichts (Pelloux *et al.*, 2007). Veränderungen dieser Zusammensetzung begünstigen die Suszeptibilität gegenüber Pathogenen und abiotischem Stress (Schmohl *et al.*, 2000). Womöglich baut die Pflanze die Zellwand zu späten Zeitpunkten nach Infektion selbst ab, um Pathogenen die Lebensgrundlage zu entziehen.

Der Abbau beschädigter und misgefalteter Proteine wird durch proteolytische Enzyme umgesetzt. Diese spielen dadurch für vielfältige Aufgaben eine Rolle in allen Aspekten des Pflanzenlebens (Schaller, 2004). Über 40 Proteine aus diesem Bereich lagen verändert vor. Viele Endopeptidasen (PBB1, PAE1, PAF2, etc.), Ubiquitine (UBQ8), Ubiquitin-spezifische Proteasen (UBP1, 6, 12) und SUMO2 (Small Ubiquitin-like modifier 2) waren in der Abundanz

hochreguliert (Abb. 4.2). Die Endopeptidasen waren erst zum 24 Stunden-Wert erhöht. In einer anderen Studie lagen Transkriptlevel von Endopeptidasen trotz erhöhter Aktivität unverändert vor, was eine Regulation durch posttranslationale Modifikationen wie Phosphorylierung vermuten lässt (Sun *et al.*, 2013a). SUMOylierung ist eine Stress-induzierte Modifikation diverser Nukleus-lokalisierter Proteine, die die Chromatin-Architektur, Transkription und RNA-Biologie regulieren (Miller *et al.*, 2013). *Arabidopsis*-Mutanten, denen eine E3-Ligase (SIZ1) zur SUMOylierung fehlt, weisen eine veränderte Reaktion auf abiotischen Sress, erhöhte Level an SA und konstitutive PR-Genexpression auf (Lee *et al.*, 2007; van den Burg *et al.*, 2010). Ubiquitinylierungen werden ebenfalls durch E3-Ligasen vermittelt und führen zum Abbau von Proteinen. PUB22 (Plant U-Box 22) bspw. ubiquitinyliert EXO70B2, welches danach von 26S Proteasomen degradiert wird. PUB22 reguliert damit die PAMP-ausgelöste Antwort negativ (Stegmann *et al.*, 2012). Die Degradierung von Proteinen schützt also die Pflanze in einem *Feedback-Loop* vor der Schädigung durch zu starke Reaktionen.
Im Bereich Signaltransduktion wurden MAPKs, LRR-Proteine, WRKY47 und diverse GRFs (General regulatory factor 1, 2, 4, 7, 10) gefunden (Abb. 4.2). LRR-enthaltende Proteine, codiert durch viele R-Gene, erkennen Pathogen-Effektoren ausschließlich obligat biotroph wachsender oder hemibiotroph lebender Organismen (Jones und Dangl, 2006). Die GRFs (auch 14-3-3) sind die zahlreichsten Phosphoproteininteraktions-Proteine in Pflanzen (Denison *et al.*, 2011). Diese Proteine interagieren mit phosphorylierten Peptidsequenzen über spezifische Motive: RSxpSxP und RSxxpSxP (Shen *et al.*, 2003). Die Phosphate bilden Wasserstoffbrücken- und ionische Bindungen mit der basischen Bindungstasche der GRFs (Paul *et al.*, 2012). Die verschiedenen Bindungsmöglichkeiten erlauben deshalb eine große Vielfalt in Phosphorylierungsbasierten Signalwegen aktiv zu sein. Beispiele sind der Immunitätsassoziierte Zelltod oder die Regulierung der Nitratreduktase (Oh *et al.*, 2010). Vermutlich ändern diese die Konformation, Aktivität sowie Lokalisation ihres Partners und vermitteln die Bindung zu weiteren Proteinen (Sehnke *et al.*, 2002). Es wäre möglich, dass MAPK-Substrate neben der Phosphorylierung auch der Regulation durch diese GRFs unterliegen. Ebenfalls interessant zeigte sich das Protein BAK1 (BRI1-associated receptor kinase 1)), das nach 24 Stunden akkumuliert vorlag. BAK1 agiert als Co-Rezeptor membranständiger Rezeptorkinasen (Sun *et al.*, 2013b). Vermutlich stockt die Pflanze ihr Repertoire an membranständigen Rezeptoren und assoziierten Proteinen auf, um einem erneuten Pathogenbefall schneller entgegen zu wirken.
Glutathion-S-Transferasen (GST) sind ubiquitär in Pflanzen vorhanden und werden vermutlich für die Detoxifikation eigener oder xenobiotischer Stoffe genutzt (Marrs, 1996). Die GST-Superfamilie von *Arabidopsis* besteht aus 47 Mitgliedern, die in vier Klassen unterteilt werden. Die zwei Kleineren, GSTZ und GSTT, haben Verwandte GSTs in tierischen Organismen, GSTF und GSTU sind dagegen Pflanzen-spezifisch (Wagner *et al.*, 2002). Die hier gefundenen GSTs können drei der vier Klassen zugeordnet werden und waren in der Proteinabundanz ausnahmslos hochreguliert (GSTF2, 3, 6, 7, 9, 10; GSTU4, 10, 13, 19; GSTZ1; Abb. 4.2), wobei besonders

GSTF2, 6, und 7 induziert wurden (Abb. 3.15 A, Jones *et al.*, 2004). GSTF9/10 stiegen nur in geringem Maß und GSTF8 überhaupt nicht im Gegensatz zu anderen Studien (Abb. 3.15 B, Jones *et al.*, 2006; Asano *et al.*, 2012). Es kann vermutet werden, dass diese zwar Stress-induziert aber nicht MPK3/6-aktiviert sind. GSTF2/6-Transkriptlevel steigen zwei bis vier Stunden nach Inokulation mit *Pseudomonas syringae* an. Die volle Expression dieser GSTFs erfolgt aber erst als Resultat aus einem kombinierten SA- und Ethylensignal im späteren Verlauf (Lieberherr *et al.*, 2003). Hier erfolgte die Induktion etwa nach sechs bis acht Stunden vermutlich durch die MPK3/6-Aktivierung hervorgerufen (Abb. 3.15 A). Die erhöhte Proteinexpression aus Col-0 DD war in *mpk6* DD kompromitiert. Vermutlich ist eine vorherige Aktivierung der MPK6 dafür notwendig. *ein3/eil1* DD und *rbohD* DD zeigten reduzierte Endlevel an GSTF6 und 7. Hier könnte das nötige ROS-Signal, welches in Col-0 DD nachgewiesen wurde (Abb. A.7), und das Ethylensignal fehlen (Lieberherr *et al.*, 2003).
Zwischen 10 und 24 Stunden beginnt der Abbau Photosynthetisch-aktiver Proteine als Reaktion auf die Aktivierung von MPK3/6, wobei die Verringerung zwischen zwei- und dreifach lag (Abb. 4.2). Betroffen sind z.B. die große und kleine Untereinheit der RuBisCO sowie eine Phosphoglycerat-Kinase. Proteine der Tetrapyrrol-Synthese waren ebenfalls in der Abundanz reduziert (Tanaka *et al.*, 2011). Pflanzen nutzen Licht zur Erstellung von ATP und NADPH, welche genutzt werden können, um photosynthetische Assimilate zu bilden. Der photosynthetische Metabolismus wird verändert, um sich den Bedürfnissen der Pflanzen anzupassen (Monavarfeshani *et al.*, 2013). Die Produktion Abwehr-relevanter Komponenten rückt in den Vordergrund. Studien zeigten, dass die Photosynthese lokal verringert wird nach Pathogenbefall (Bolton, 2009). Durch Besprühen mit DEX und damit MPK3/6-Aktivierung wird eine globale Reaktion erzeugt. Einerseits könnte dies zum Freisetzen neuer Ressourcen für die Pathogenabwehr führen oder den Photosynthese-Apparat vor oxidativem Stress schützen (Somssich und Hahlbrock, 1998; Niyogi, 2000). Andererseits könnte es auch eine Konsequenz aus oxidativem Stress sein (Blokhina *et al.*, 2003). *mpk6* DD und *rbohD* DD zeigten keine Änderungen in der Abundanz von RuBisCO oder Proteinen aus der Tetrapyrrol-Synthese. Womöglich erfolgt der Abbau auf Grund von ROS. Auch wenn in *rbohD* DD chloroplastidäres ROS vorkommen kann (Liu *et al.*, 2007), könnte ROS allgemein in *mpk6* DD und *rbohD* DD weniger vorhanden sein und deshalb findet keine Degradation der genannten Photosynthese-Proteine statt.
Allein durch die Aktivierung von MPK3/6 wird das Pflanzenproteom einem enormen Umbau unterzogen, der den Proteinauf-/abbau erhöht, die Photosynthese und Abwehr-relevante Gene beeinflusst.

4.1.3 Vielfältige Metabolit-Änderungen spiegeln das Proteomics-Profil wider

Die Beeinflussung des Proteoms geht mit massiven Änderungen im Metabolismus einher (Abb. 3.18). Der Abbau des Chlorophylls spiegelt sich im Anstieg der nicht-fluoreszenten Chlorophyll-

katabolite (NCC, *nonfluorescent chlorophyll catabolite*) 1 und 3 wider (Abb. A.10 E). Hierbei handelt es sich um farblose Tetrapyrrole, die in der Pflanzenseneszenz auftreten.
Aromatische Aminosäuren wie Trp, Tyr und Phe waren in der Abundanz erhöht und sind Vorläufer für sekundäre Metabolite (Abb. A.10). Tryptophan ist der Vorläufer für vielfätige Reaktionen. Die Biosynthese von Indol-3-carboxylsäure (I3CA), indolischen Glucosinolaten (indolische GLS) und am wichtigsten auch Camalexin hängt davon ab. Im Tryptophan-Metabolismus defiziente Mutanten zeigten wie essentiell diese Aminosäure für die Resistenz in Pflanzen ist (Hiruma *et al.*, 2013). Tryptophan-Biosynthese-assoziierte Proteine wie ASA1, ASB1, TRP1, sowie TSA und TSB (Zhao und Last, 1996) waren bis zehn Stunden nicht verändert (Tab. B.5), erst der 24 Stunden-Wert zeigte eine Regulation der Proteinexpression. In Kombination mit PAPE konnten einige dieser Proteine zu verschiedenen Zeiten angereichert werden, was eine Regulation durch Phosphorylierung suggeriert. Da keine direkte Phosphorylierung an SP/TP nachgewiesen wurde, könnten diese Proteine auch an anderen Stellen durch andere Kinase phosphoryliert worden sein.
Camalexin ist ein Phytoalexin und gehört zum Netzwerk der Abwehrreaktion der Pflanze (Glawischnig, 2007; Ahuja *et al.*, 2012). Da Camalexin in *mpk6* DD und *rbohD* DD kompromitiert war, scheint die Aktivierung einer Biosynthese-Komponente durch MPK6 wahrscheinlich (Abb. 3.21). Momentan wird davon ausgegangen, dass WRKY33 zusammen mit PAD3 (PHYTOALEXIN-DEFICIENT 3) eine Rolle spielt (Qiu *et al.*, 2008; Mao *et al.*, 2011). Eine Beeinflussung durch reaktive Sauerstoffspezies wäre ebenfalls möglich. Auch wenn einige Glutathion-Biosynthese-Proteine (GSH2, PAD2) spät in der Abundanz hochreguliert vorlagen, konnte dies den Abfall der Glutathion-Konzentration nicht kompensieren. Glutathion dient als Vorläufer für den Thiazol-Ring in Camalexin (Wang *et al.*, 2012).
Auch die Biosynthese indolischer Glucosinolate und deren Abbauprodukte war stark induziert, allerdings schwächer als Camalexin (Abb. 3.19, 3.20). Diese Substanzen tragen zur Resistenz gegen Pathogene bei, jedoch ist zu unterscheiden ob das Glucosinolat selbst oder dessen Abbauprodukte den toxischen Effekt ausüben (Buxdorf *et al.*, 2013). Aliphatische Glucosinolate sind analog zu den indolischen in Reaktionen auf biotischen Stress verwickelt (Burow *et al.*, 2010). Allerdings konnten hier keine großen Unterschiede in der aliphatischen GLS-Synthese sowie deren Abbauprodukte beobachtet werden (Abb. A.10 F). Diese Synthesewege werden daher unwahrscheinlich über MPK3/6 gesteuert.
Die Biosynthese von I3CA und dessen Glycolysierungsprodukte stiegen nach 12 Stunden an (Abb. A.10 G). β-aminobuttersäure fördert eine effektive Resistenz gegen *Plectosphaerella cucumerina* durch Stimulation der Callose-reichen Zellwandablagerungen. Die Synthese von I3CA wird dabei ebenfalls gefördert und vermittelt eine schnellere Akkumulation von Callose. Dabei wird die Camalexin-Biosynthese unterdrückt, um metabolische Energie für weitere Prozesse zurückzuhalten (Gamir *et al.*, 2012). Da Camalexin hier im Übermaß produziert wird (Abb. 3.19), ist davon auszugehen, dass die ausschließliche Aktivierung von MPK3/6 einige Negativ-

Regulatoren nicht anspricht.
Phenylalanin ist ein Vorläufer für die Synthese von Flavonoiden oder Hydroxy-Zimtsäure-Derivaten, die allerdings keine bzw. nur minimale Änderungen zeigten (Abb. A.10 B). Interessant in letzter Gruppe waren hier die Agmatine. HCAA (*Hydroxycinnamic acid amide*) sind antipilzliche Substanzen, die als Phytoalexine dienen können (von Röpenack *et al.*, 1998). Sie spielen eine Rolle bei der erworbenen Immunität durch Unterdrückung der Hyphenverlängerung sowie der Limitierung des Pathogen-Eintritts durch Einlagerung in der Zellwand. Letztere verursacht eine physikalische Barriere bzw. erhöht die Blattfestigkeit (Muroi *et al.*, 2013). Die ACT (Agmatin-Coumaroyltransferase) katalysiert die Biosynthese der Hydroxyzimtsäureagmatin-Derivate. Diese wurde aus *Arabidopsis* isoliert und bildet hauptsächlich Coumaroyl-Agmatin (81%) und geringere Mengen anderer Komponenten, bspw. Feruloyl-Agmatin (3,7%, Verhältnis 22:1). Eine AtACT T-DNA Insertionslinie war defizient in den beiden genannten Produkten und deshalb suszeptibler gegenüber *Alternaria brassicicola* (Muroi *et al.*, 2009). Diese bekannten Komponenten wurden hier ebenfalls nach ca. sechs Stunden sehr schnell gebildet allerdings in einem Verhältnis von 10:1 respektive (Abb. A.10 A). Es konnten hier außerdem zwei weitere Agamtine ab ca. zehn Stunden identifizert werden. Phenylacetyl-Agmatin wurde schwächer als Coumaroyl-Agmatin gebildet, Acetylagmatin dagegen trat mit einer Konzentration in etwa doppelt so hoch wie Coumaroyl-Agmatin auf. Es gibt vermutlich noch mehr dieser Agmatine, die wichtig sind für die Pathogenabwehr. Acetylagmatin war außerdem in allen Mutanten geringer ausgebildet und dessen Biosynthese erscheint daher MPK3/6 sowie Ethylen- und ROS-abhängig (Abb. 3.21).
Zusammen mit den vielen Änderungen des Proteom-Profils zeigte diese Metabolit-Analyse, dass die Aktivierung von MPK3/6 ein hoch-komplexes System aus Abwehrreaktionen in Gang setzt. Die Regulierung der MAPKs, derer Substrate bzw. nachfolgende Reaktionen scheinen dabei auch über MPK3/6 angesiedelt zu sein. Insgesamt treten in diesem System viele der typischen Pflanze-Pathogen Reaktionen auf.

4.2 Phosphoproteomics als Mittel zum Zweck

Es existieren eine Vielzahl von Techniken, um genauere Erkenntnisse des Phosphoproteoms zu erlangen. Im Mittelpunkt stehen dabei immer solche, die zu einer Anreicherung phosphorylierter Strukturen führen. Bevorzugt wird dabei die Anreicherung von Phosphopeptiden verwendet, die aber oft nicht reproduzierbar durchführbar ist bzw. nicht-phosphorylierte Peptide außer Acht lässt (Thingholm *et al.*, 2009; Fíla und Honys, 2012). Weiterhin ist die Nutzung von Zellkulturen und Keimlingen als Ausgangsmaterial gängiger, da diese das hoch-abundante Protein RuBisCO in geringerem Anteil enthalten. Dies lässt aber keine Aussage über Vorgänge zu, die ausschließlich im Blatt ablaufen (Ito *et al.*, 2009). Oft werden Methoden auch für andere Organismen entwickelt. Diese lassen sich allerdings schwer auf

grünes Pflanzenmaterial übertragen (Song *et al.*, 2010).
Für die vorliegende Arbeit sollte Blattmaterial verwendet werden. In einem ersten Schritt wurde das Protein RuBisCO, welches phosphoryliert vorliegen kann (Aryal *et al.*, 2012), durch Aussalzen mit 40% AS reduziert und gleichzeitig Phosphoproteine angereichert (Abb. 3.1, 3.7, A.1 A).
Dieser erste Schritt der Phosphoprotein-Anreicherung und RuBisCO-Reduktion wurde mit einer angeschlossenen Phosphoprotein-Anreicherung erweitert. Die hierfür genutzte MOAC (Wolschin *et al.*, 2005) wurde in vorhergehenden Arbeiten bereits in einigen Punkten für eine höhere Effizienz abgeändert. In Kombination mit der vorangegangenen Aussalzung konnte eine mehr als deutliche Anreicherung von Phosphoproteinen erzielt werden. Diese lagen über den gesamten Molekulargewichtsbereich verteilt vor, was den Schluss zulässt, dass keine bestimmten molekularen Massen bevorzugt werden (Abb. 3.3).
Die Zusammensetzung der Proteine unterschied sich in den Fraktionen sehr stark (Abb. 3.5), was erwartet werden kann durch den weiten Bereich der Proteinlöslichkeit in wässrigen Lösungen (Pace *et al.*, 2004). Negative Ladungen an Carboxylsäure-Resten sind unter anderem in der Lage an Metalloxide zu binden, was die Konkurrenz der Phosphoproteine um die Matrix verschärft (Stensballe *et al.*, 2001). Die Probleme des MOAC-angereicherten Totalextrakts unphosphorylierte Peptide zu binden, wird mit der PAPE teilweise umgangen, da hier bereits eine Anreicherung von Phosphoproteinen stattgefunden hat.
Die spezifische Phosphoprotein-Färbung wurde mit massenspektrometrischen Daten unterstützt. Dafür wurde der Vergleich mit P3DB und PhosPhAt gesucht (Durek *et al.*, 2010; Yao *et al.*, 2012). Bei diesen Datenbanken handelt es sich um Pflanzen-Phosphoprotein Datenbanken, die experimentell ermittelte Einträge enthalten. Der Anteil bekannter Phosphoproteine (Abb. 3.7 A) sowie identifizierter Phosphopeptide (Abb. 3.7 B) konnte durch PAPE gesteigert werden. Die in PAPE angereicherten Proteine zeigten außerdem einen Trend in Richtung von Proteinen, die auf abiotische und biotische Stimuli sowie Stress reagieren (Abb. A.3). Da Proteinphosphorylierung viele dieser Prozesse reguliert, unterstützt dies die Effektivität der PAPE niedrig-abundante phosphorylierte Proteine anzureichern (Abb. A.2), die in zelluläre Signalwege involviert sind (Hamel *et al.*, 2006). Auch wenn hier keine Aktivierung der Pathogenabwehr vorliegt, können solche Proteine bereits vorher durch Phosphorylierung/Dephosphorylierung reguliert sein (Wang *et al.*, 2007). Viele der identifizierten Phosphopeptide wurden bisher nicht in P3DB oder PhosPhAt gelistet (Tab. 3.1).
Viele der Proteine konnten erst durch PAPE identifiziert werden (Abb. A.1 B), z.B. zwei TPR-ähnliche Proteine. Identifizierte Phosphopeptide aus diesen beiden Proteinen waren sowohl bekannt als auch neu. Ebenfalls interessant stellte sich die Situation für die Pathogenabwehr-relevanten Proteine MPK4 und 6 dar (Li *et al.*, 2012; Colcombet *et al.*, 2013). Die Identifizierung von MPK4 und MPK6 durch PAPE (Abb. A.2) sowie die unsichere Detektion einer Phosphorylierung an MPK4 (Kap. 3.1.4) stellen ein Indiz dar, dass MPK4

als niedrig-abundantes Protein und ebenso MPK6 ausschließlich durch Vorfraktionierung oder PAPE sichtbar gemacht werden können. Bisherige in diesen beiden MAPKs gefundene Phosphorylierungen waren ausschließlich nach Aktivierung am pTEpY-Motiv identifiziert.
Entgegen der Erwartungen nach der phosphospezifischen Färbung konnten nur relativ wenige Phosphorylierungen direkt nachgewiesen werden. Im Vergleich zu anderen Studien mit tausenden, detektierten Phosphopeptiden, allerdings mit entsprechender Phosphopeptid-Anreicherung durchgeführt, bleibt die Identifizierungsrate hier deutlich zurück. Eine Kombination aus Phosphopeptid-Anreicherung mit Ti^{4+}-basierter IMAC und RP-SCX (*reversed phase-strong cation exchange*) führte zur Identifizierung von ca. 5000 einzigartigen Phosphopeptiden aus *Arabidopsis*, was ca. dem 50fachen der PAPE entspricht (Wang *et al.*, 2013). Vermutlich führt der Verdau der angereicherten Phosphoproteine zu einem erneuten, komplexen Proteinmix. Wird RuBisCO bspw. *in silico* mit Trypsin verdaut, ergeben sich 50 proteolytische Peptide, von denen 27 mit einem LTQ-Orbitrap-System messbar sind. Bei Zulassung von einer *missed cleavage* erhöhen sich diese Zahlen auf 99 und respektive 67 (Lu *et al.*, 2008). Sollte nur eins dieser Peptide wiederum phosphoryliert sein, ergibt sich eine Erhöhung der Komplexität bezüglich der Phosphorylierung um das 50fache. Überrepräsentierte, nicht-phosphorylierte Peptide können also Phosphopeptide überdecken (Boersema *et al.*, 2009). Außerdem wurde keine gesondert auf Phosphorylierungen abgezielte MS-Methode wie MSA (*multi stage activation*) oder ETD (*electron transfer dissociation*) genutzt (Vandenbogaert *et al.*, 2012). Es ist bekannt, dass Phosphoprotein-Anreicherungen die Anzahl an Phosphoproteinen erhöht, aber dies muss nicht zwangsläufig die Identifikation von Phosphopeptiden verbessern (Nakagami *et al.*, 2012).
Eine Phosphopeptid-Anreicherung wäre eine Variante diesen Nachteil zu überwinden, allerdings kann es Unterschiede bei der Effizienz zwischen der Anreicherung von mono-phosphorylierten und multi-phosphorylierten Peptiden geben. Außerdem gehen alle Informationen von nicht-phosphorylierten Peptiden verloren (Fíla und Honys, 2012). Diese zwei Punkte waren ausschlaggebend nur den Schritt bis zur Phosphoprotein-Anreicherung zu gehen.
Als klarer Vorteil zum MOAC-angereicherten Totalextrakt kristallisierte sich bei der PAPE die hohe Reproduzierbarkeit heraus, die visuell und massenspektrometrisch gezeigt werden konnte (Abb. 3.3, 3.6). PAPE bietet außerdem verlässlich, reproduzierbare Proteinmengen (Abb. 3.4). Vermutlich erhöht die Reduktion der RuBisCO sowie die Erhöhung des Phosphoprotein-Gehalts vor MOAC deren Reproduzierbarkeit.
PAPE kann also als effektive und reproduzierbare Methode zur Phosphoprotein-Anreicherung verwendet werden. Das hoch-abundante Protein RuBisCO wird außerdem abgereichert. Nachteilig zeigte sich die geringe Anzahl identifizierter Phosphorylierungsstellen. Wie beschrieben könnte eine andere MS-Methode, die Veränderung des LC-Gradienten bzw. die Einführung einer Phosphopeptid-Anreicherung im Bedarfsfall Abhilfe schaffen (Wang *et al.*, 2013). Weiterhin sei darauf hingewiesen, dass PAPE auch als Ergänzung für die MOAC allein

angenommen werden kann, da gezeigt werden konnte, dass die identifizierten Phosphoproteine sich in den Fraktionen sehr stark unterschieden (Abb. A.4).
Das in dem nachfolgenden Kapitel (Kap. 4.3) beschriebene Experiment konnte die Ergebnisse der Methodenetablierung übertreffen. Die Unterschiede zur Etablierung beschränken sich auf die Nutzung der Pflanzen aus Kap. 4.1 und eine Verlängerung des Gradienten der LC-MS von 150 auf 300 Minuten. Die restlichen Parameter inkl. der PAPE wurden beibehalten. Es konnte eine hohe Anzahl von 2820 phosphorylierten Peptiden gefunden werden (Abb. 3.26). Bei den Phosphorylierungen handelt es sich allerdings nicht nur um die gesuchten SP/TP-Motive sondern um Phosphorylierungen an S,T und Y (Tab. B.19). Dabei konnten 2547, 1222 und 376 Phosphorylierungsstellen respektive gefunden werden. Dies ergibt ein Verhältnis von S:T:Y von 7:2:1 und entspricht nicht dem typischen Verhältnis in *Arabidopsis* von 131:11:1 (de la Fuente vanBentem *et al.*, 2008). Zum einen könnte das Experiment dieses Ergebnis durch Verschiebung des Phosphorylierungsmusters beeinflussen oder die Einzelschritte der PAPE reichern bevorzugt bestimmte Phosphorylierungsspezies an. Weiterhin verändert sich von Studie zu Studie das Verhältnis zu häufigeren Tyrosin-Phosphorylierungen, die ähnlich hoch wie in tierischen Zellen ist (Luan, 2002).
Proteine mit detektierten Phosphorylierungsstellen waren neben hoch-abundanten Metabolismus-Proteinen (Fructose-2,6-bisphophatase) auch kaum nachweisbare Signalproteine wie MAPKs und WRKYs (MPK1, 4, 5, 6, 10, 20; MKK2, 5; WRKY3, 6, 15, 30, 40). MAPKs werden durch Phosphorylierung an TEY-Motiven aktiviert und können ihrerseits Substrate phosphorylieren (Ichimura *et al.*, 2002; Jonak *et al.*, 2002). Eine TEY-Phosphorylierung konnte zu einem Zeitpunkt für MPK6 gefunden werden (VTSESDFMTE**Y**VVTR). Ansonsten konnte MPK6 außer in *mpk6* DD in allen Proben zu allen Zeiten egal ob Col-0 KR oder Col-0 DD gefunden werden, wobei tendenziell für Col-0 KR weniger PSMs vorlagen. Dies zeigt, wenn auch nicht deutlich, einen erhöhten Anreicherungseffekt in Col-0 DD. Da Phosphorylierungen an Tyrosin seltener auftreten und es eine technische Herausforderung darstellt Tyrosin-Phosphorylierungen per MS zu identifizieren, kann dies ein Grund für den einmaligen Nachweis des TEpY-Motivs sein bzw. erklärt dies den geringen Unterschied zwischen Col-0 KR und Col-0 DD (de la Fuente vanBentem und Hirt, 2009; Mithoe und Menke, 2011).
Insgesamt wurden 196 Proteinen 285 SP- bzw. TP-Phosphorylierungen zugeordnet, das typische Phosphorylierungsmotiv von MAPKs (Tab. B.19). Damit sind ca. 10% aller Phosphorylierungen diesem Motiv zuzuordnen. 20% dieser Proteine wiederum sind im Nukleus lokalisiert und zu 15% an Prozessen als Antwort auf biotischen und abiotischen Stress involviert. Viele potentielle MAPK-Substrate scheinen also im Kern vorzuliegen. Außerdem hat die Anreicherung durch PAPE in Kombination mit einem biologischen System sehr gut funktioniert, da MPK3/6 durch diverse abiotische und biotische Stimuli beeinflusst werden und eben solche Proteine angereichert werden konnten. Im Vergleich zu einer ähnlichen Studie, bei der 141 solcher Substrate aufgezeigt wurden, konnte hier diese Anzahl noch

deutlich gesteigert werden (Hoehenwarter *et al.*, 2013). Eine genaue Aussage, ob es sich um reale Substrate von MPK3/6 handelt, kann nur mit weiteren Daten belegt werden und wird in Kap. 4.3 diskutiert.
Die Anwendung der PAPE auf dieses in Stress-versetzte, biologische System konnte den reproduzierbaren und effizienten Effekt der Phosphoprotein-Anreicherung festigen.

4.3 Verknüpfung der PAPE mit dem *in vivo*-System

Die in Kap. 3.2 beschriebenen Pflanzen wurden mit der in Kap. 3.1 beschriebenen Methode kombiniert, um putative MPK3/6-Substrate zu identifizieren. Dafür wurden die durch den cMyc-Immunoblot ermittelten Zeitpunkte aus Tab. 3.3 genutzt.
Das Ziel hinter dieser Vorgehensweise besteht darin einen veränderten Phosphorylierungsstatus von Proteinen aus Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR sichtbar zu machen. Im Idealfall wird die Aussage durch den direkten Nachweis einer Phosphorylierung an SP oder TP gestützt. Ansonsten können folgende Schlüsse aus diesen Daten gezogen werden. Kategorie (1) Ein Protein tritt in Col-0 DD häufiger als in Col-0 KR auf, weil es tatsächlich durch den Aktivierungsprozess von MPK3/6 phosphoryliert wurde. Kategorie (2) Das Protein liegt grundsätzlich in der Zelle phosphoryliert vor, es hat eine transkriptionelle oder translationelle Regulation stattgefunden und es wird dadurch in Col-0 DD häufiger angereichert. Kategorie (3) Entspricht Szenario zwei, nur dass das Protein nicht phosphoryliert ist, aber auf Grund von sauren Seitenketten trotzdem unspezifisch angereichert wird in Col-0 DD. Kategorie (4) Ein Protein wurde phosphoryliert, dadurch abgebaut oder lag phosphoryliert vor und wurde abgebaut. Deshalb erfolgte eine Anreicherung in Col-0 KR. Die letzte Variante wurde aber nicht näher betrachtet.
Zunächst zeigte sich in einem Zeitverlauf, dass von den frühen zu den späten Zeitpunkten ein kontinuierlicher Anstieg der verändert angereicherten Proteine stattfand (Abb. 3.22 A). Dabei waren zu allen Zeiten etwa 50% der Proteine in Col-0 DD durch PAPE erhöht. Zum frühesten Zeitpunkt waren nicht einmal 100 Proteine in Col-0 DD angereichert. Wie in den Immunoblots gesehen, handelt es sich um einen sehr frühen Zeitpunkt der Aktivierung von MPK3/6. Hier identifizierte Proteine gehören am wahrscheinlichsten zu putativen Substraten. Vermutlich können von MPK3/6-Substraten verursachte Phosphorylierungen zu diesem Zeitpunkt noch ausgeschlossen werden. Dies ist auch erkennbar an der zunehmenden Anzahl an Proteinen über die Zeit. Hierbei handelt es sich wahrscheinlich um eine Mischung aus putativen Substraten, *downstream*-Phosphorylierungen bzw. transkriptionell oder translationell regulierten Proteinen der Kategorie (2) und (3).
Ebenfalls interessant zeigte sich die Zusammensetzung im Vergleich der Zeiten. Aus allen konnten knapp 600 verschiedene Proteine als putative Substrate ermittelt werden (Abb. 3.22 B). Allerdings waren nur sieben allen gemein (At1g28280, VQ4; At5g24110, WRKY30; At4g32285, ENTH *superfamily protein*; At2g32240, unbekannt; At2g41430, ERD15; At4g38550, PEARLI4;

At2g02010, GAD4). Bei diesen könnte es sich tatsächlich um Substrate handeln, die kontinuierlich von MPK3/6 phosphoryliert werden und deshalb über alle Experimente erhalten bleiben. Am deutlichsten zeigte sich die Einzigartigkeit im 8h-Zeitpunkt, bei der allein 300 von den 600 Proteinen auftraten. Vermutlich sind die Veränderungen durch die Aktivierung von MPK3/6 bereits so gravierend, dass nicht mehr nur SP/TP-Phosphorylierungen putativer Substrate die Anreicherung in Col-0 DD verursachen. Im Allgemeinen kann aus dem Zeitverlauf geschlossen werden, dass es früh sowie spät durch MPK3/6 phosphorylierte Proteine gibt, Dephosphorylierungen für das Verschwinden in einzelnen Zeiten wichtig sein kann oder manche Proteine nicht zuverlässig detektiert werden konnten.

4.3.1 Betrachtung bekannter Substrate aus dem Kernexperiment

Über diesen Label-freien Ansatz konnten zwei bereits bekannte Substrate der MPK3/6 identifiziert werden. Sowohl NIA2 als auch WRKY33 konnten fast ausnahmslos in alle Zeiten gefunden werden (Tab. 3.4). Für die **NIA2** konnte gezeigt werden, dass eine Phosphorylierung an S627 durch MPK6 die Aktivität dieses Enzyms beeinflusst (Wang *et al.*, 2010b). Das Enzymprodukt NO nimmt Einfluss auf die Expression Pathogenabwehr-relevanter Gene wie *PR1* und *PR2* (Vitor *et al.*, 2013). NIA-defiziente Pflanzen sind behindert in der Ausprägung ihrer hypersensitiven Antwort (Modolo *et al.*, 2006). Die Phosphorylierung an S627 konnte nicht bestätigt werden. Diese wurde in Col-0 KR-Pflanzen gefunden, lag also ohne Aktivierung vor. Vielmehr wurde hier eine andere putative Phosphorylierungsstelle an S34 identifiziert, die nicht in Col-0 KR auftrat und ebenfalls nicht in *mpk6* DD (Abb. 3.27). Auch wenn keine weiteren Beweise vorliegen, scheint eher MPK6 für die Phosphorylierung und somit Aktivierung von NIA2 verantwortlich zu sein (Wang *et al.*, 2010b). Außerdem konnten insgesamt 8 Phosphorylierungsstellen in NIA2 nachgewiesen werden, von denen noch nicht alle bekannt sind (Tab. B.19).
WRKY33 konnte nach PAPE um das 4- bis 10fache erhöht in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR beobachtet werden (Tab. 3.4). Eine Regulation durch erhöhte Transkription oder Translation kann nicht ausgeschlossen werden, da dieses Protein ohne Anreicherung unterhalb des Detektionslimits des Massenspektrometers lag. Eine Phosphorylierungsstelle konnte ebenfalls nicht gezeigt werden. WRKY33 konnte eine wichtige Rolle in der Phytoalexin-Biosynthese zugeordnet werden. Nach Aktivierung durch MPK3 und MPK6 wird die Expression von Camalexin-Biosynthese-Genen zu einer Erhöhung der Camalexin-Produktion hin beeinflusst (Mao *et al.*, 2011). Dabei wurde allerdings nicht unterschieden, ob tatsächlich beide Kinasen an der Phosphorylierung beteiligt sind. Der Vergleich der beiden Mutanten, *mpk3* DD und *mpk6* DD, gegenüber dem Kernexperiment mit Col-0 DD zeigte nur in *mpk3* DD eine Anreicherung wie in Col-0 DD (Abb. 3.24 A). In *mpk6* DD dagegen konnte analog zu Col-0 KR keine Anreicherung nachgewiesen werden (Abb. 3.24 B). Dies legt nahe, dass tendenziell MPK6 für die *in vivo*-Phosphorylierung von WRKY33 hauptverantwortlich ist.

Werden die stringenten Parameter von einem *p-value* kleiner 0,05 und einer Änderungen von mindestens zweifach zur Bewertung putativer Substrate außer Acht gelassen, konnten in fast allen Zeiten auch die bekannten MAPK-Substrate **PHOS32/34**, **VIP1** und **DCP1** nachgewiesen werden (Lenman *et al.*, 2008; Merkouropoulos *et al.*, 2008; Pitzschke *et al.*, 2009a; Xu und Chua, 2012). Die Änderung zu Col-0 KR betrug dabei mindestens eins, maximal jedoch nicht über zwei. Phosphorylierungen konnten nicht nachgewiesen werden. Außer den anfänglich beschriebenen, bekannten Substraten MKS1, welches durch MPK4 phosphoryliert wird, ERF104 und MKP1 wurden alle Substrate in Col-0 DD angereichert im Vergleich zu Col-0 KR gefunden. Dabei könnte einerseits eine Rolle spielen, dass diese Proteine in geringem Maßstab phosphoryliert werden oder die Phosphorylierung eine Destabilisierung verursacht, die zum Abbau führt. Dies deutet an, dass die Kombination der PAPE-Methode mit dem artifizellen Pflanzensystem Substrate von MPK3/6 anreichern kann und somit Vermutungen über neue Substrate angestellt werden können.

4.3.2 Putative Rolle von VQ4 in der Camalexin-Biosynthese

Der interessanteste Kandidat, ein putatives Substrat von MPK3 und/oder MPK6 zu sein, war **VQ4** (At1g28280). Es trat zu allen Zeiten in hohem Maße angereichert auf (Tab. 3.4). In einer ähnlichen Studie wurden zwei veränderte Phosphopeptide nach Aktivierung von MPK3/6 nachgewiesen (Hoehenwarter *et al.*, 2013). *In vitro*-Analysen zeigten ebenfalls die Fähigkeit der MAPKs dieses Protein zu phosphorylieren (Pecher, unveröffentlicht). Die Vermutung ein putatives Substrat gefunden zu haben, stützt sich nicht nur auf den Label-freien Vergleich sondern auch auf den Nachweis direkter Phosphorylierungen. Insgesamt konnten für VQ4 fünf Phosphorylierungsstellen an SP identifiziert werden (Tab. 3.5, Abb. 3.27). Weitere Phosphorylierungen können nicht ausgeschlossen werden, da der N-terminale Bereich massenspektrometrisch nicht erfasst werden konnte. Die Summe der PSMs aus einer zielgerichteten Analyse aller Zeiten ergab zudem, dass ein SP-Motiv im C-terminalen Bereich am häufigsten phosphoryliert wurde gefolgt von einem weiteren SP-Motiv in direkter Nachbarschaft (Abb. 3.28). Zwei weitere SP-Motive ordneten sich eher Richtung Proteinmitte ein. Das fünfte konnte nur mit geringer Wahrscheinlichkeit nachgewiesen werden. Dieses Phosphorylierungsmuster deutet auf eine sequentielle Aktivierung des VQ-Proteins hin. Vermutlich wird die Stabilität des Proteins, seine Lokalisation sowie die Aktivität beeinflusst (Wang *et al.*, 2008b; Li *et al.*, 2012; Marazita *et al.*, 2012; O'Donovan *et al.*, 2013) bzw. die ersten sind notwendig für die weiteren Funktionalitätsbeeinflussenden Phosphorylierungen (Vlad *et al.*, 2010).
VQ4 gehört zur Klasse der VQ-Motiv-enthaltenden Proteine (Cheng *et al.*, 2012). MKS1 ein bekanntes Substrat der MPK4 gehört ebenfalls dieser Klasse aus 34 Proteinen an (Andreasson *et al.*, 2005). Für MKS1 sowie drei weitere VQ-Proteine SIB1, SIB2 (*sigma factor-interacting protein*) und IKU1 (HAIKU1) konnte die Interaktion mit WRKY-Transkriptionsfaktoren gezeigt

werden (Wang *et al.*, 2010a). VQ4 interagiert *in vitro* mit WRKY33 (Pecher, unveröffentlicht). MKS1, SIB1 und SIB2 interagieren mit dem C-Terminus der WRKY-Domäne und stimulieren die DNA-Bindungaktivität von WRKY33. Außerdem scheinen die Aminosäuren V und Q des Motivs den Kern der WRKY-Interaktionsdomäne darzustellen. VQ-Proteine könnten somit wichtige Regulatoren der DNA-Bindung oder anderer Aktivitäten der WRKY-Faktoren sein (Lai *et al.*, 2011). Im Allgemeinen binden VQ-Proteine bevorzugt den C-Terminus von WRKYs der Gruppen I und IIc (Cheng *et al.*, 2012).
Zur Klasse 1 der Transkriptionsfaktoren gehört WRKY33, welches wie beschrieben ebenfalls zu den in dieser Studie gefundenen Substraten gezählt werden kann. WRKY33 erhöht die Genexpression von **PAD3** (PHYTOALEXIN DEFICIENT 3), welches für die Synthese des antimikrobiellen Camalexin notwendig ist (Abb. 4.3, Qiu *et al.*, 2008). PAD3 konnte zum spätesten Zeitpunkt 10fach erhöht in Col-0 DD angereichert gefunden werden (Tab. 3.4). Veränderungen im transkriptionellen sowie translationellen Expressionslevel sowie Phosphorylierungen konnten nicht gezeigt werden. Es kann angenommen werden, dass WRKY33 putativ VQ4-abhängig die *PAD3*-Genexpression beeinflusst, da höhere Level erst spät auftreten. Das häufigere Vorhandensein von PAD3 ging einher mit einer starken Akkumulation von Camalexin ab ca. sechs Stunden nach DEX-Behandlung (Abb. 3.19). Zu späteren Zeitpunkten stieg die Konzentration von Camalexin-Abbauprodukten. Mit einer konstitutiv aktiven MEK2 aus *Nicotiana tabacum* konnten in einem Keimling-Assay erhöhte Mengen an Camalexin im Medium gefunden werden, die bei Abwesenheit von WRKY33 deutlich geringer ausfielen aber nicht komplett verschwunden waren. Die Aktivierung von WRKY33 war dabei unabhängig von den Einzelmutationen von MPK3 und MPK6 (Mao *et al.*, 2011). WRKY33 und VQ4 zeigten sich hier in *mpk3* DD mit einer ähnlichen Abundanz wie in Col-0 DD (Abb. 3.24 A), wohingegen beide Proteine in *mpk6* DD der Abundanz aus Col-0 KR entsprachen (Abb. 3.24 B). Somit kann eine bevorzugte MPK6-Aktivierung beider Proteine vermutet werden. Das Protein PAD3 zeigte sich ebenfalls in der *mpk6* DD-Mutante auf Col-0 KR-Niveau und wird vermutlich auf Grund der fehlenden Aktvierung von WRKY33 oder der fehlenden VQ4-WRKY33-Interaktion (Pecher unveröffentlicht) nicht reguliert (Abb. 3.25). **CYP71A13** wurde ähnlich PAD3 reguliert. Bei acht Stunden lag dieses Protein knapp vierfach erhöht vor und in *mpk6* DD entsprach es Col-0 KR (Abb. 3.4, 3.25). Dieses Cytochrom katalysiert die Vorstufe IAN und *in vitro* auch den Schritt zu CYS(IAN) (Klein *et al.*, 2013). Glutathion kann ebenfalls zur Synthese von Camalexin genutzt werden (Wang *et al.*, 2012). Glutathion-S-Transferasen könnten diese Reaktion vermitteln. **GSTF2/6/7** konnten in Col-0 DD nach PAPE erhöht gefunden werden (Tab. 3.4). Wird die PAPE mit der Regulation auf Gesamtproteinebene verglichen, wurde bei beiden ein Anstieg beobachtet. Der Effekt der PAPE beginnt aber bereits früher, weswegen zu Beginn auf eine Regulation dieser Proteine durch Phosphorylierung geschlossen werden kann. GSTF2/6/7 stiegen in ihrer Abundanz von 0-24 Stunden in der Mutante *mpk3* DD ähnlich Col-0 DD an (Abb. 3.15 A). Dieser Effekt konnte in *mpk6* DD nicht gezeigt werden bzw. es erhöhte sich die Menge dieser

GSTFs erst zum 24-Stunden-Wert. Dies deutet wiederum auf eine Regulation durch Phosphorylierung von MPK6 hin, die zu Beginn notwendig scheint und später durch transkriptionelle bzw. translationelle Regulation ergänzt wird. Letztendlich spiegelt sich der Unterschied der Aktivierung durch MPK3 oder MPK6 im Metabolismus wieder. Die Camalexin-Produktion ist in *mpk6* DD fast komplett abgeschaltet im Vergleich zu *mpk3* DD, die Col-0 DD entspricht (Abb. 3.21). Die ebenfalls deutlich verringerte Camalexin-Synthese in *rbohD* DD deutet einen Einfluss von reaktiven Sauerstoffspezies an. Chaouch *et al.*, 2012 bewiesen das sowohl die Abwesenheit von *rbohD* als auch *rbohF* sich nicht auf die Camalexin-Synthese auswirkten. Die Analyse wurde allerdings mit einer anderen Methode durchgeführt und die Pflanzen wurden direkt einem Pathogen (*Pseudomonas syringae*) ausgesetzt. Außerdem werden verschiedene Transkriptionsfaktoren durch ROS reguliert (Sewelam *et al.*, 2013), so dass doch ein Einfluss angenommen werden kann. Auf phänotypischer Ebene ordnen sich *mpk6* DD und *rbohD* DD in die gleiche Gruppe ein. Circa fünf Tage nach DEX-Behandlung schienen die Pflanzen analog zu Col-0 DD tot zu sein, konnten aber in den Folgetagen neue Blätter ausbilden. Offensichtlich konnte in diesen Pflanzen durch fehlende Aktivierung von Transkriptionsfaktoren, in *rbohD* DD vermutlich auch durch Einflussnahme auf MPK6, keine vollständige bzw. nur eine abgeschwächte Form der Abwehrantwort ausgebildet werden. Selbst wenn es sich bei den beschriebenen Proteinen nicht um direkte Substrate von MPK3/6 handelt, so ist doch deutlich geworden, dass eine MPK3- und im besonderen MPK6-Signalkette erforderlich ist, um eine vollständig ausgeprägte Camalexin-Reaktion zu erreichen.

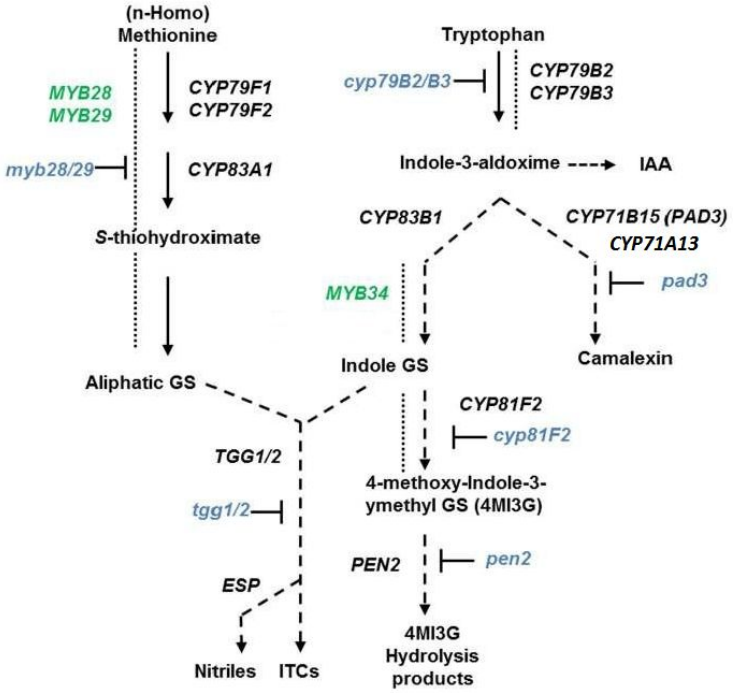


Abbildung 4.3: Biosynthese von Glucosinolaten und Camalexin. Schematische Übersicht der Camalexin-Biosynthese und des Abbaus von Glucosinolaten. In schwarz sind beteiligte Gene dargestellt, blau ordnet den Einfluss von Mutationen ein und grün sind Transkriptionsfaktoren. MYB34 reguliert die Expression von Genen des indolischen Glucosinolat-Weges. Modifiziert nach Buxdorf *et al.*, 2013. MYB, MYB DOMAIN PROTEIN; CYP, Cytochrom; GS, Glucosinolat; IAA, Indol-3-essigsäure; PAD, PHYTOALEXIN-DEFICIENT; TGG, THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE; ESP, EPITHIOSPECIFIER PROTEIN; ITCs, Isothiocyanate.

4.3.3 Bedeutung der WRKY-Transkriptionsfaktor-Familie

Nicht nur WRKY33 spielt eine enorm wichtige Rolle als Transkriptionsfaktor in der Pathogenabwehr. Außer WRKY33 wurden vier weitere WRKYs identifiziert.

WRKY4 hat nach PAPE zu fast allen Zeiten erhöht in Col-0 DD vorgelegen (Tab. 3.4). Expressionslevel und Phosphorylierungen liegen auch hier nicht vor, so dass eine transkriptionelle Regulierung nicht ausgeschlossen werden kann. *WRKY4* wird durch verschiedene Stresskonditionen wie Infektion mit *Pst*DC3000 oder auch Behandlung mit Salicylsäure nach ca. zwei Stunden transkriptionell reguliert. Die nukleare Lokalisation und die Sequenz-spezifische DNA-Bindungsaktivität unterstützen die Funktion als Transkriptionsfaktor. Zusammen mit WRKY3 üben diese einen positiven Effekt auf die Resistenz gegen nekrotrophe Pathogene aus. WRKY4 allein dagegen hat einen negativen Effekt auf die Resistenz gegen biotrophe Pilze (Lai *et al.*, 2008; Datta *et al.*, 2013). In *mpk3* DD war WRKY4 auf Col-0 KR-Niveau (Abb. 3.24 A), scheint also MPK6-unabhängig zu sein. In *mpk6* DD dagegen lag die Abundanz von WRKY4 um ein vielfaches höher als in Col-0 DD (Abb. 3.24 B). Die Abwesenheit von MPK6 führt also zu einer massiven Erhöhung von WRKY4 nach PAPE. Möglicherweise kann ein MPK6-Substrat nicht phosphoryliert werden, welches antagonistisch zur MPK3-Phosphorylierung von WRKY4 wirkt.

WRKY6 lag ebenfalls zu fast allen Zeiten mit mehr als 10fach deutlich erhöht vor nach PAPE (Tab. 3.4). Es ist wieder die Unterscheidung zwischen MPK3- und MPK6-aktiviert möglich (Abb. 3.24). WRKY6 scheint eher durch MPK6 phosphoryliert zu werden. Besonders interessant diesmal zeigte sich eine Phosphorylierungsstelle an einem SP-Motiv (S268), die erst durch die aktive Variante der MKK5 auftritt nie jedoch in den Kontrollen (Abb. 3.27). Im Gegensatz zur bevorzugten Phosphoprotein-Anreicherung in der *mpk3* DD-Mutante konnte in beiden Mutanten diese Phosphorylierung nachgewiesen werden, was den Schluss zulässt, dass WRKY6 ein MPK3/6-Substrat ist. Ähnlich wie WRKY4 ist WRKY6 im Nukleus lokalisiert und spielt eine Rolle bei der Pathogenabwehr bzw. Seneszenz. Bei der Abwehr virulenter oder avirulenter Bakterien erhöht sich die Expression von *WRKY6*. Eine Reihe Abwehr-relevanter Gene werden ebenfalls während der Seneszenz induziert (Quirino *et al.*, 1999). Ähnlich dazu ist die Expression Seneszenz-relevanter Gene beeinflusst wie Mutanten von *PAD4* oder *NPR1* zeigen, die in der Pathogenabwehr beeinträchtigt sind (Morris *et al.*, 2000). Wahrscheinlich wurden diese Gene während der Evolution von der Pathogenabwehr auch zur Seneszenz rekrutiert (Quirino *et al.*, 2000). Diese Gene reagieren deshalb auf beide Signalwege mit WRKY6 als eine regulatorische Komponente. Ein Bereich zwischen -345 und -217 bp im Promotor von *WRKY6* enthält ein *reverse as1-like element* und ein *MYB recognition element*, über die die Expression von *WRKY6* beeinflusst werden kann (Robatzek und Somssich, 2001). Außerdem reguliert WRKY6 die Expression von *PR1* (*pathogenesis related 1*) sowie *SIRK*, eine Rezeptor-ähnliche Kinase, positiv und sich selbst negativ (Robatzek und Somssich, 2002). Ansonsten konnte WRKY6 als Regulator bei weiteren abiotischen Stressfaktoren nachgewiesen werden

(Chen *et al.*, 2009; Castrillo *et al.*, 2013)
Ein weiterer Transkriptionsfaktor, **WRKY30**, welcher sich in allen Zeiten zum Teil 100fach erhöht wiederfand, ist bisher weitgehend uncharakterisiert (Tab. 3.4). Hier konnte nur gezeigt werden, dass dieser in *mpk6* DD nach PAPE in der gleichen Menge vorlag wie in Col-0 KR, weshalb eine Phosphorylierung durch MPK6 in Frage kommt (Abb. 3.24). Für *mpk3* DD konnte keine Aussage getroffen werden. *WRKY30*-Mutanten haben keinen Seneszenz-Phänotyp, trotzdem wird es während der Blattentwicklungsseneszenz exprimiert und interagiert mit den Negativ-Seneszenzregulatoren WRKY54 und 70 sowie dem Positiv-Seneszenzregulator WRKY53. SA-defiziente Mutanten deuten eine Rolle für SA bei der Induktion dieser WRKYs an. ROS soll ebenfalls eine Rolle spielen (Besseau *et al.*, 2012). Somit könnte WRKY30, gesteuert durch MPK6, wichtig für die Modulation und das Fortschreiten der Blattseneszenz sein.
WRKY40 tritt zum frühesten als auch spätesten Zeitpunkt auf (Tab. 3.4). Aber nur bei acht Stunden konnte ein SP-Phosphorylierung an S81 nachgewiesen werden. Für *mpk6* DD konnte hier wie bei WRKY30 wieder kein Anreicherungseffekt gesehen werden, für *mpk3* DD liegen keine Daten vor (Abb. 3.24). WRKY40 scheint daher ein MPK6-Substrat zu sein. WRKY40 ist beteiligt an der transkriptionellen Reprogrammierung nach Befall mit Mehltau. *WRKY18/40*-Mutanten führen zu einer Pathogen-abhängigen extremen Reaktion von Abwehrgenen, was bspw. zu stark erhöhten Camalexin-Werten führt. WRKY18/40 wirken demzufolge in einem Repressor-System. WRKY40 bindet *in vivo* an Promotor-Regionen mit W-Box-Element von zum Bsp. *EDS1*, *RRTF1* oder *JAZ8*. Vermutlich werden *CYP71A13*, *EDS1* und *PAD4* negativ reguliert wohingegen Schlüssel-JA-Signalgene positiv reguliert werden (Pandey *et al.*, 2010). Allerdings konnte CYP71A13 zum spätesten Zeitpunkt der PAPE erhöht gefunden werden (Tab. 3.4). Die Metabolom-Analyse zeigte ebenfalls, dass zwei Biosynthesewege, Indol-3-carboxylate und Camalexin, die aus IAN entstammen, dem Produkt von CYP71A13, angeschaltet wurden (Abb. 3.19, A.10 G). Es handelt sich um eine deutliche Aktivierung von CYP71A13 und steht damit konträr zum aktivierten WRKY40-Transkriptionsfaktor, der CYP71A13 negativ regulieren soll. Möglicherweise sorgt WRKY40 für eine verzögerte Aktivierung von CYP71A13 oder beugt einer übermäßigen Reaktion und somit der Bildung von hohen Mengen IAN vor.

4.3.4 Biosynthese indolischer Glucosinolate ist MPK3/6 abhängig

Ähnlich wie bei Camalexin und Indol-3-carboxylaten handelt es sich bei indolischen Glucosinolaten um toxische Substanzen (Hopkins *et al.*, 2009). Die meisten der hier gebildeten Glucosinolate und der Hydrolyseprodukte wurden bereits ca. vier Stunden nach DEX-Behandlung induziert (Abb. 3.20). Insbesondere 4-Methoxy-I3M GLS wird schnell gebildet, die Hydrolyseprodukte folgen ebenfalls schnell, wohingegen der Vorläufer I3M-GLS stark abnimmt. Gemessen an der gezeigten Phosphorylierung von MPK3/6 nach ca. vier Stunden ist dies sehr schnell

und deutet auf eine direkte Regulierung der Syntheseproteine durch MPK3/6 hin. In die nähere Betrachtung kommen hier die Proteine **PEN2**, PEN3 (PDR8) und PEN4 (PCS1), welche zu den beiden späteren Zeitpunkten nach PAPE angereichert werden konnten (Tab. 3.4). Da PEN2 und PEN4 im Zeitverlauf von 0-24 Stunden ihre Abundanz nicht änderten (Abb. 3.17), ist eine Regulation durch Erhöhung der Expression unwahrscheinlich. Eine Regulation durch Phosphorylierung rückt trotz nicht-detektierter Modifikation am ehesten in den Fokus.

pen2-Mutanten zeigen eine verstärkte Penetration durch das nicht-adaptierte, pilzliche Pathogen *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (Lipka *et al.*, 2005). Sowohl die *pen2-1* als auch *pen2-2*-Mutante wiesen nach flg22-Behandlung keine Callose-Antwort auf, was im Zusammenhang mit der Analyse von Expressionsprofilen auf eine Funktion für PEN2 als Myrosinase-Enzym hindeutet (Abb. 4.3). Außerdem akkumuliert in Abwesenheit von PEN2 das 4-Methoxy-I3M GLS (Clay *et al.*, 2009), welches hier nach 18 Stunden ein Plateau erreicht und ebenso schnell wie es synthetisiert auch hydrolysiert wird (Abb. 3.20).

PCS1, eine Phytochelatinsynthase, scheint ebenso wie PEN2 in die Hydrolyse der Glucosinolate involviert zu sein. Die korrespondierenden Mutanten *pcs1-1*, *pcs1-2* und *cad1-3* sind in ihrer Callose-Bildung beeinträchtigt. Die transkriptionellen und Glucosinolat-Profile entsprechen außerdem denen von PEN2 (Clay *et al.*, 2009).

Phytochelatinsynthasen benötigen Cadmium als Cofaktor für ihre enzymatische Aktivität (Grill *et al.*, 1989). ABC-Transporter wie **PEN3** transportieren Cadmium und könnten mit Phytochelatinen zusammenarbeiten (Rea *et al.*, 1998). *pen3*-Mutanten (*pen3-1*, *atpdr8-2/pen3*) waren in ihrer Callose-Bildung ebenfalls beeinträchtigt und in ihrer Resistenz gegenüber *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 kompromitiert (Clay *et al.*, 2009; Xin *et al.*, 2013). Analog zu *pen2* und *pcs1* akkumulierte in *pen3*-Mutanten 4-MethoxyI3M-GLS nach flg22-Behandlung (Clay *et al.*, 2009). Das Plasmamembran-ständige Protein PEN3 und PEN2 könnten also zusammen die Synthese und den Export antimikrobieller Substanzen organisieren (Bednarek *et al.*, 2009; Underwood und Somerville, 2013). PEN3 konnte außerdem in *mpk6* DD nach PAPE nicht erhöht gefunden werden (Abb. 3.25), was wiederum auf eine MPK6-abhängige Phosphorylierung hindeutet.

Interessant war ebenfalls, dass das Hauptprodukt bei den Glucosinolaten, 4-MethoxyI3M-GLS, nur in *mpk6* DD um 50% reduziert akkumulierte (Abb. 3.21), während dies in den weiteren Mutanten geringer ausgeprägt auftrat. Dies stützt die vermutlich MPK6-abhängige Regulation beteiligter Syntheseproteine. Der Vorläufer dieses Glucosinolates, I3M-GLS, reduzierte sich im Verlauf vergleichend zu Col-0 KR um 50%. Da bereits große Mengen in Col-0 KR zur Verfügung stehen, wird dieses Glucosinolat vermutlich gespeichert, um möglichst schnell daraus toxische Abbauprodukte zu synthetisieren bzw. die Callose-Bildung zu modulieren. Mutanten mit reduzierten Mengen an oder keinen indolischen Glucosinolaten sind in der Callose-Bildung beeinträchtigt (Clay *et al.*, 2009). Interessanterweise konnte die Abnahme der I3M-GLS-Konzentration nicht in allen Mutanten beobachtet werden (Abb. 3.21), was andeutet,

dass weniger Abbauprodukte auf Kosten dieses Vorläufers entstehen. Da PEN2/3/4 in die Hydrolyse involviert sind, werden diese vermutlich durch die fehlende Aktivierung von entweder MPK3 oder MPK6 nicht phosphoryliert und können somit ihre Funktion nicht ausüben.
Da die Regulation aller PENs erst ab ca. sechs Stunden auftritt, könnte auch eine Phosphorylierung durch ein MAPK-aktiviertes Protein in Frage kommen. PEN4 (PCS1) wird an T49 (kein TP-Motiv) phosphoryliert und damit die Aktivität als Phytochelatinsynthase gesteigert. T49A-Mutanten konnten nicht phosphoryliert werden und deren Aktivität ist signifikant niedriger als die der Wildtyp-PCS (Wang *et al.*, 2009). Mutmaßlich kann eine zusätzliche MAPK-Phosphorylierung die Aktivität weiter erhöhen.

4.3.5 Weitere putative Substrate

TZF7 - ist ein Tandem-CCCH-Zinkfinger-Protein, welches über viele Organismen konserviert vorliegt. *Arabidopsis* besitzt 11 dieser TZFs mit einem Pflanzen-eigenen TZF-Motiv (Wang *et al.*, 2008a). Bei einigen der TZFs ist bekannt, dass diese an PBs (*processing bodies*) oder SGs (*stress granules*) lokalisiert sind. PBs und SGs sind Aggregationen zytoplasmatischer mRNP-Komplexe (*messenger ribonucleoprotein*), die bei der post-transkriptionellen Regulation und epigenetischer Modulation der Genexpression eine Rolle spielen (Anderson und Kedersha, 2009). AtTZF1 kann sowohl DNA als auch RNA *in vitro* binden (Pomeranz *et al.*, 2010). Für verschiedene TZFs wurden Aufgaben als negativer bzw. positiver Regulator von Hormonantworten während des Pflanzenwachstums, Entwicklung sowie Stressantwort zugesprochen (Lee *et al.*, 2012; Bogamuwa und Jang, 2013). Da TZF7, dessen Funktion unbekannt ist, hier angereichert vorlag und zwei Phosphopeptide mit SP-Phosphorylierung vorlagen (S510, S557), die nicht in Col-0 KR auftraten, kann von einer Regulation durch MPK3/6 ausgegangen werden (Tab. 3.4, 3.27). Erstere trat häufiger auf und stellt vermutlich die wichtigste Phosphorylierungsstelle dar. Der Unterschied im Anreicherungseffekt bei *mpk3* DD und *mpk6* DD zeigte, dass hier MPK3 die größere Rolle bei der Phosphorylierung spielt (Abb. 3.25). Da die meisten TZFs in PBs bzw. SGs lokalisiert sind, könnten MPK3/6 so Einfluss auf die Stabilität von mRNAs ausüben.
EXO70B2 - ist eine Exocystkomplex-Untereinheit, die wichtig für die PTI ist. Dieses Protein wird durch PUB22 als Ubiquitylierungsziel markiert. Die anschließende Degradation erfolgt bereits 60 Minuten nach flg22-Behandlung. T-DNA Insertionslinien dieses Proteins zeigten eine verringerte Antwort in Bezug auf flg22-Behandlung und anderen Elizitoren. Dabei waren ROS, MAPK-Aktivität und Markergenexpression beeinflusst. Im Allgemeinen waren diese Mutanten suszeptibler gegenüber *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (Stegmann *et al.*, 2012). EXO70B2 konnte hier nur zu einem Zeitpunkt nach PAPE erhöht nachgewiesen werden (Tab. 3.4). Weitere Nachweise fehlen ebenfalls. Allerdings konnte *in vitro* gezeigt werden, dass EXO70B2 von MPK3 phosphoryliert werden kann (unveröffentlicht, Eschen-Lippold).

4.4 Limitationen der vorliegenden Arbeit

Pflanzliche Einschränkungen

Für die erfolgten Betrachtungen wurde angenommen, dass die Phosphorylierung der MPK3/6 zu einem identischen Zeitpunkt in allen Mutanten erfolgt. Für das Kernexperiment (Col-0 DD vs. Col-0 KR) gab es keine Einschränkungen. Die Mutanten *mpk3* DD und *mpk6* DD zeigten sich zeitlich dem Kernexperiment angepasst, wobei bei ersterer die Phosphorylierung etwas früher begann. Da es sich aber um eine geringfügige Zeitspanne handelt, wurden die globalen Experimente des Zeitverlaufs nach 24 Stunden sowie die Metabolom-Analyse vermutlich nicht nachhaltig beeinflusst. Ebenfalls sollte die Betrachtung nach PAPE von *mpk3* DD bei vier Stunden des Kernexperiments und *mpk6* DD bei acht Stunden des Kernexperiments keinen großen Einfluss durch diese leichte Zeitverschiebung gehabt haben. Viele der putativen Substrate traten ohnehin zu allen Zeitpunkten auf. Für die Ethylen-insensitiven Mutanten *ein2* DD und *ein3/eil1* DD konnte ebenfalls nach vier Stunden ein Signal beobachtet werden, welches erst später stärker wurde. Trotzdem sollte diese beginnende Phosphorylierung ausreichen, um entsprechende Substrate zu aktivieren. Der Vier-Stunden-Zeitpunkt bei Col-0 DD zeigte eine ähnlich schwache Bande und es gab hier bereits gravierende Veränderungen nach PAPE im Vergleich zu Col-0 KR. Bei *rbohD* DD trat die Phosphorylierung tatsächlich recht spät auf. Erst nach zehn Stunden war diese detektierbar und damit sechs Stunden später als bei den übrigen Mutanten. Da für diese Mutante keine PAPE-Betrachtung angestrebt war, können nur die globalen Experimente betrachtet werden. Die globalen Proteom- und Metabolom-Analysen erstreckten sich aber über einen Zeitraum von 24 Stunden, bei denen eine sechs-stündige vielleicht auch eine acht-stündige Verzögerung, insbesondere beim 24-Stundenwert, nicht ins Gewicht fällt. Bei einer normalen flg22-Induktion werden MAPKs bereits nach zehn Minuten phosphoryliert und nach 45 Minuten dephosphoryliert (Asai *et al.*, 2002). Diese Reaktionszeit reicht für eine vollständige Ausprägung der Immunantwort. Die hier beginnende schwache Phosphorylierung sollte dementsprechend ebenfalls ausreichen. Die kontinuierliche Nachbildung von aktiver MKK5 und damit Phosphorylierung von MPK3/6 kann offensichtlich nicht abgebaut werden und akkumuliert deshalb stetig bis zu 24 Stunden.

Technische Einschränkungen

Einer der wichtigsten Punkte hier ist die PAPE selbst. Diese Anreicherungsmethode ist sehr zuverlässig und bietet auch eine große Anzahl an detektierten Phosphoproteinen. Trotzdem besteht immer noch der Nachteil der Anreicherung von unspezifisch gebundenen Proteinen (Stensballe *et al.*, 2001), die in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR auf Grund einer erhöhten transkriptionellen oder translationellen Regulation angereichert werden können. Dieser Nachteil lässt sich durch einen Vergleich des Totalextraktes, beobachtet über einen 24-Stunden-Zeitraum, mit den PAPE-Zeiten umgehen. Dies lässt sich allerdings nicht für

alle Proteine realisieren. Der sicherste Nachweis bleibt aber die direkte Identifikation von Phosphorylierungsstellen an einem SP/TP-Motiv.
Die Label-freie, relative Quantifizierung der Proteine über Progenesis LC-MS beinhaltet ebenfalls eine Schwachstelle (Schulze und Usadel, 2010). Die Anpassung der Retentionszeiten zwischen den einzelnen Läufen erfolgt grundsätzlich mit gutem Erfolg. Allerdings kann es hier zu Problemen kommen, sollten die LC-MS Messungen zeitlich weit auseinander liegen. Die Zeiten der Kernexperimente wurden in sich geschlossen zusammen analysiert, so dass hier keine größeren Unterschiede der Retentionszeit zu erwarten waren. Die Mutanten *mpk3* DD und *mpk6* DD jedoch wurden ca. ein Jahr später analysiert. Mehrere Wechsel der Trennsäule in dieser Zeit können dazu beitragen, dass sich das Retentionszeitmuster verändert und die Anpassung zwischen den Läufen, hier *mpk3* DD vs. Col-0 DD/Col-0 KR bei vier Stunden bzw. *mpk6* DD vs. Col-0 DD/Col-0 KR bei acht Stunden, erschwert wird. Veränderungen in der Effektivität der Ionenoptik sowie der Empfindlichkeit des Massenspektrometers können ebenfalls Einfluss haben. Neben den Geräteschwankungen könnte außerdem die Berechnung der Normalisierung durch Progenesis LC-MS eine Rolle spielen, da diese ebenfalls auf Basis der Anpassung der Retentionszeit aufbaut (NonlinearDynamics, 2013). Der Vergleich des Kernexperiments mit den Mutanten *mpk3* DD und *mpk6* DD war sozusagen möglich, stellte aber nicht den idealen Fall dar.
Die Analyse der Veränderungen des Gesamtproteins über 24 Stunden in allen Linien war ebenfalls von Schwankungen im Gerätebereich beeinflusst. Proteine, die innerhalb einer Linie über diese 24 Stunden keine Änderung erfuhren, unterschieden sich oft in ihrer Intensität zwischen den Mutanten. Gleiches fiel bei sich ändernden Proteinen auf. Entweder die Mutationen beeinflussen die Abundanz bestimmter Proteine oder dies entstand durch technische Variabilität. Die Messung einer Zeitreihe dauerte ca. eine Woche, in der die biologischen Replikate aller Zeiten einer Linie in zufälliger Reihenfolge gemessen wurden. Insgesamt führt dies zu einem homogenen Bild innerhalb einer Linie. Die Linien an sich wurden aber mit größerem Abstand gemessen, so dass hier unter Umständen zwischen der zuerst und zuletzt analysierten Linie mindestens sieben Wochen tendenziell eher drei Monate lagen.
Der 5-Stunden-Wert des Kernexperiments schien sich nicht so gut in die restlichen Zeiten einzufügen. Das Problem hier ist vermutlich die Umstellung des Gerätes von einer Orbitrap Velos auf die Orbitrap Velos Pro. Bei dieser Verbesserung wurde die Ionenoptik verändert, so dass diese neutrale Ionen besser abfangen kann und nicht so schnell verdreckt. Außerdem wurden verbesserte Elektronen-*Multiplier* installiert. Insgesamt konnte so die Sensitivität und auch Geschwindigkeit des Gerätes optimiert werden. Weiterentwicklungen von der Orbitrap Velos Pro zur Elite zeigen diesen Unterschied deutlich (Michalski *et al.*, 2012). Die 5-Stunden-Probe wurde nicht erneut analysiert und bleibt deshalb hinter den anderen Proben zurück. Die Proben aus der Methodenentwicklung wurden ebenfalls vor der Aufrüstung analysiert.

4.5 Fazit und weiterführende Arbeiten

Die für diese Arbeit generierten Pflanzen stellten ein gutes, künstliches System für die Phosphorylierung von MPK3/6-Substraten dar. Die vielen Änderungen in der Proteom- und Metabolom-Zusammensetzung deuten auf eine umfangreiche Wirkung dieser beiden MAPKs hin. PAPE, eine modifizierte und erweiterete Variante der MOAC, konnte putative Substrate von MPK3/6 anreichern, die mit den Proteom- und Metabolomdaten verknüpft werden konnten (Abb. 4.4). Einige der bereits bekannten Substrate wurden bestätigt. Weitere Substrate wurden beschrieben. Diese unterscheiden sich nach dem Zeitpunkt ihrer erhöhten Abundanz in Col-0 DD nach PAPE. In frühen Zeitpunkten auftretende Proteine könnten direkte Substrate von MPK3/6 sein. Für einige dieser Proteine konnten MAPK-Phosphorylierungsstellen nachgewiesen werden. Zu späteren Zeitpunkten auftretende Proteine könnten ebenfalls direkte Substrate sein oder von aktivierten Proteinen phosphoryliert werden. Die in dieser Arbeit beschriebenen, putativen MAPK-Substrate stellen einen Ausschnitt aus dem gesamten Datensatz dar, zeigen aber deutlich die Möglichkeiten der PAPE und dieser Ergebnisse auf.

Zunächst könnten die vorhandenen Daten weiter analysiert werden. Es konnten hier bei Weitem nicht alle Proteomdaten dargestellt werden. Putative Substrate könnten außerdem nach PAPE in Col-0 KR im Vergleich zu Col-0 DD in ihrer Abundanz erhöht auftreten. Phosphorylierungen können Proteine destabilisieren und damit zum Abbau führen. Dieser Fall in Kap. 4.3 als Kategorie (4) beschrieben, wurde in dieser Arbeit nicht näher betrachtet. Die Implementierung einer an die PAPE angeschlossenen Phosphopeptid-Anreicherung könnte die Identifikation weiterer direkter Phosphorylierungen putativer Substrate begünstigen. Eine Anpassung der LC-MS-Methode könnte die Detektion von Phosphopetiden verbessern bzw. die Liste putativer Substrate erweitern.

Die Veränderungen im Metabolom könnten ebenfalls genauer betrachtet werden. Weitere Analyse-Techniken könnten andere Metabolite detektieren, die eine Rolle spielen. Außerdem wurden viele unbekannte Metabolite gefunden, die noch identifiziert werden können. Eine genauere Betrachtung der Metabolitmuster; ähnlich umfangreich des Kernexperimentes; in den Mutanten kommt ebenfalls in Frage.

Hier postulierte, putative Substrate könnten noch *in vitro* auf ihre Phosphorylierung durch MPK3/6 bzw. deren Bindung zu den MAPKs geprüft werden z.B. mit *Yeast-2-Hybrid*- und Kinase-Assays. Die gezielte Mutation von putativen Phosphorylierungsstellen könnte Aufschluss über die Wichtigkeit dieser geben. Außerdem bleibt die interessante Frage, in welchen Signalwegen, z.B. nach Trockenstress oder Pathogenstress, die putativen Substrate tatsächlich aktiviert werden.

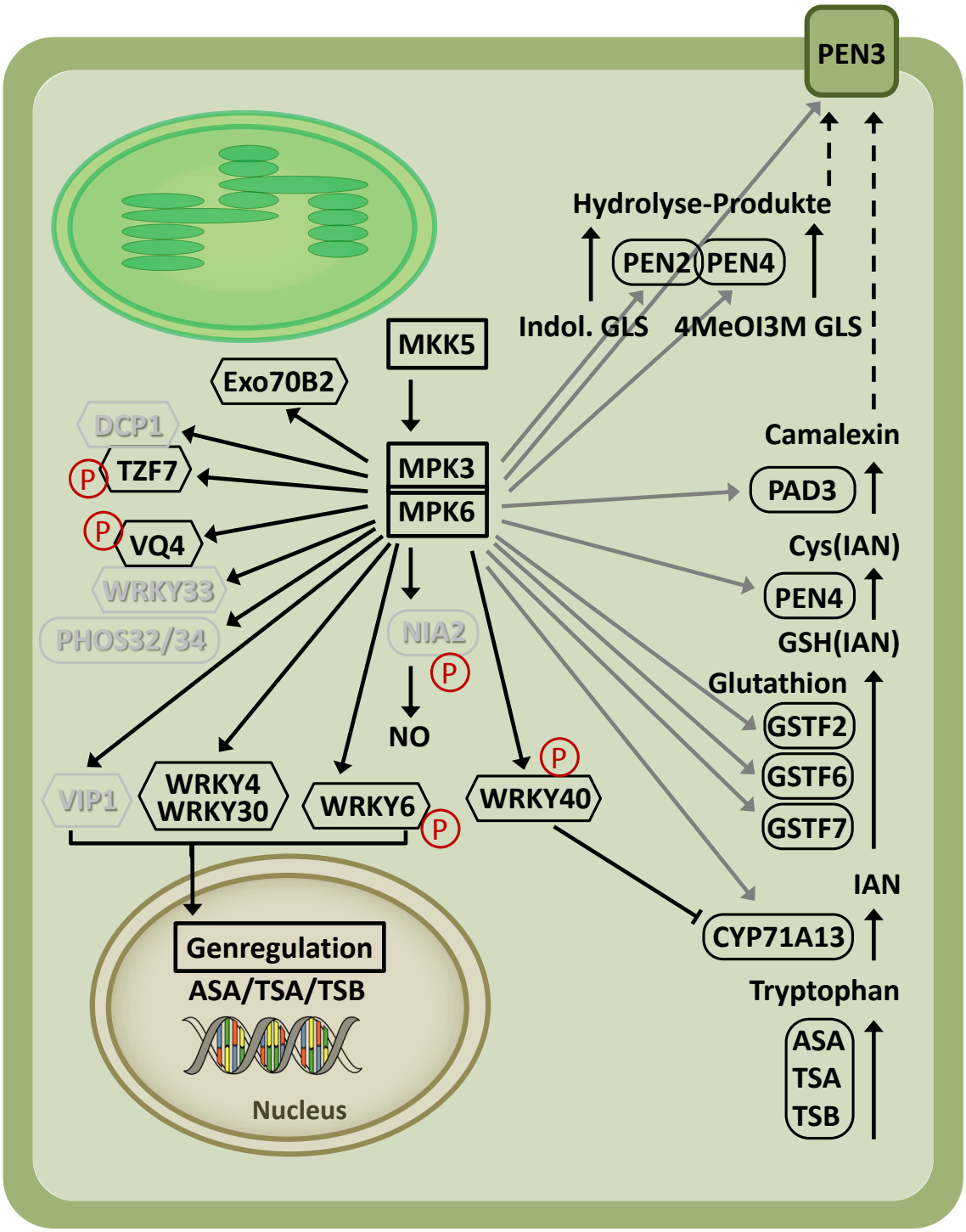


Abbildung 4.4: Putative Substrate in der Übersicht. In dieser Arbeit konnten einige Proteine als putative Substrate von MPK3/6 identifiziert werden. Einige der bereits bekannten Substrate (grau) wurden bestätigt. Weitere Substrate wurden beschrieben (schwarz). Diese unterscheiden sich nach dem Zeitpunkt ihrer erhöhten Abundanz in Col-0 DD nach PAPE. In frühen Zeitpunkten auftretende Proteine (Schwarzer Pfeil) könnten direkte Substrate von MPK3/6 sein. Für einige dieser Proteine konnten MAPK-Phosphorylierungsstellen nachgewiesen werden (rotes P). Zu späteren Zeitpunkten auftretende Proteine (grauer Pfeil) könnten ebenfalls direkte Substrate sein oder von aktivierten Proteinen phosphoryliert werden. Ovale Umrandung, Enzyme; rechteckige Umrandung, MAPKs; sechseckige Umrandung, Signalproteine; ohne Umrandung, Metabolite.

5 Zusammenfassung

Pflanzen sind permanent biotischen sowie abiotischen Stressfaktoren ausgesetzt. Um diesen als sessil lebende Organismen zu begegnen entwickelten Pflanzen zweckmäßige Abwehrreaktionen. Neben der ersten Barriere der Zellwand, präsentieren pflanzliche Zellen Oberflächenrezeptoren zur Erkennung pathogener Strukturen, ähnlich dem menschlichen Immunsystem, und besitzen Resistenzproteine innerhalb der Zelle, die fremde, virulente Proteine erkennen. Dabei spielt die Signalweiterleitung sowie -verarbeitung zur Formierung einer adäquanten Immunantwort eine zentrale Rolle. Bestandteil dieser Aufgabe sind sogenannte MAPK-Kaskaden, die über Phosphorylierungen verschiedener Kinase-Ebenen agieren und so ihre Substrate regulieren. Substrate können zum Beispiel Transkriptionsfaktoren oder auch Enzyme sein, die die Prozesse der Pflanze in Richtung Immunantwort modulieren. Bis heute sind allerdings nur wenige Substrate bekannt.

Für diese Arbeit wurde ein transgenes Pflanzensystem verwendet. Nach Besprühen mit dem Hormon Dexamethason exprimierten diese Pflanzen MKK5, entweder in einer konstitutiv aktiven oder in einer Kinase-toten Variante. MKK5 ist in eine MAPK-Kaskade mittig eingeordnet und phosphoryliert die MPK3 und MPK6. Dieses einfache System ist also in der Lage spezifisch MPK3/6-Substrate zu phosphorylieren. Trotz der spezifischen Aktivierung der Substrate fanden umfangreiche Änderungen sowohl im Proteom als auch im Metabolom statt. Die Translation sowie Degradation von Proteinen, die Signaltransduktion, ROS-Abbau etc. waren stark beeinflusst. Die Synthese aromatischer Aminosäuren, Trp und Phe, war angeregt und daraus resultierende Produkte wie antimikrobielle Substanzen akkumulierten. Insbesondere indolische Glucosinolate sowie deren Hydrolyseprodukte und Camalexin waren betroffen. Camalexin wurde in einer Konzentration synthetisiert, die so in Pflanze-Pathogen-Systemen bzw. in Pflanze-abiotischer Stress noch nicht nachgewiesen wurde.

Da MAPKs spezifische Phosphorylierungsstellen nutzen (SP/TP), erfolgt der Nachweis putativer Substrate am einfachsten über eine direkte Identifikation solcher Stellen. Eine Anreicherung der Phospho-Spezies ist zur Identifikation allerdings unabdingbar. Um möglichst viele Informationen zu gewinnen wurde statt auf eine übliche Phosphopeptid- auf eine Phosphoprotein-Anreicherung gesetzt. Als Grundlage diente die bereits bekannte MOAC, die erfolgreich erweitert und modifiziert werden konnte. Neben höherer Phosphoproteinausbeute konnte außerdem RuBisCO als hoch-abundantes Protein abgereichert und die Reproduzierbarkeit verbessert werden.

Mit der Kombination der transgenen Pflanzen und der PAPE konnten somit nicht nur Phosphorylierungen putativer Substrate direkt nachgewiesen werden, sondern auch indirekt über die Anreicherung in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR. So konnten bereits bekannte Substrate wie NIA2, WRKY33, VIP1, DCP1 und PHOS32/34 identifiziert werden. Als neue, putative Substrate kommen VQ4, TZF7 und WRKY6 in Frage, bei denen eine Phosphorylierung nachgewiesen wurde. Keine Phosphorylierung tragend aber trotzdem in Frage kommen bspw. PEN2/3/4 aus

der Synthese indolischer Glucosinolate, EXO70B2, WRKY4/30/40, GSTF2/6/7 und PAD3 sowie CYP71A13 aus der Camalexin-Biosynthese. Diese Methodik stellt eine hervorragende Strategie zur Identifikation weiterer MAPK-Substrate dar.

Literaturverzeichnis

Agerbirk, N., Olsen, C. E. und Sørensen, H. (1998). Initial and final products, nitriles, and ascorbigens produced in myrosinase-catalyzed hydrolysis of indole glucosinolates. Journal of Agricultural and Food Chemistry **46**(4): 1563–1571.

Agrawal, G. K. und Thelen, J. J. (2005). Development of a simplified, economical polyacrylamide gel staining protocol for phosphoproteins. Proteomics **5**(18): 4684–4688.

Ahuja, I., Kissen, R. und Bones, A. M. (2012). Phytoalexins in defense against pathogens. Trends in Plant Science **17**(2): 73 – 90.

Allan, A. C. und Fluhr, R. (1997). Two distinct sources of elicited reactive oxygen species in tobacco epidermal cells. The Plant Cell Online **9**(9): 1559–1572.

Anderson, P. und Kedersha, N. (2009). RNA granules: post-transcriptional and epigenetic modulators of gene expression. Nat Rev Mol Cell Biol **10**(6): 430–436.

Andreasson, E., Jenkins, T., Brodersen, P., Thorgrimsen, S., Petersen, N. H., Zhu, S., Qiu, J.-L., Micheelsen, P., Rocher, A., Petersen, M., Newman, M.-A., Bjorn Nielsen, H., Hirt, H., Somssich, I., Mattsson, O. und Mundy, J. (2005). The MAP kinase substrate MKS1 is a regulator of plant defense responses. EMBO J **24**(14): 2579–2589.

Aryal, U. K., Krochko, J. E. und Ross, A. R. S. (2012). Identification of phosphoproteins in *Arabidopsis thaliana* leaves using polyethylene glycol fractionation, immobilized metal-ion affinity chromatography, two-dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry. Journal of Proteome Research **11**(1): 425–437.

Asai, T., Tena, G., Plotnikova, J., Willmann, M. R., Chiu, W.-L., Gomez-Gomez, L., Boller, T., Ausubel, F. M. und Sheen, J. (2002). MAP kinase signalling cascade in *Arabidopsis* innate immunity. Nature **415**(6875): 977–983.

Asano, T., Kimura, M. und Nishiuchi, T. (2012). The defense response in *Arabidopsis thaliana* against *Fusarium sporotrichioides*. Proteome Science **10**(1): 61.

Ausubel, F. M. (2005). Are innate immune signaling pathways in plants and animals conserved? Nat Immunol **6**(10): 973–979.

Bardwell, L. (2006). Mechanisms of MAPK signalling specificity. Biochem Soc Trans **34**: 837–841.

Bednarek, P., Pislewska-Bednarek, M., Svatoš, A., Schneider, B., Doubský, J., Mansurova, M., Humphry, M., Consonni, C., Panstruga, R., Sanchez-Vallet, A., Molina, A. und Schulze-Lefert, P. (2009). A glucosinolate metabolism pathway in living plant cells mediates broad-spectrum antifungal defense. Science **323**(5910): 101–106.

Besseau, S., Li, J. und Palva, E. T. (2012). WRKY54 and WRKY70 co-operate as negative regulators of leaf senescence in *Arabidopsis thaliana*. Journal of Experimental Botany **63**(7): 2667–2679.

Bethke, G., Pecher, P., Eschen-Lippold, L., Tsuda, K., Katagiri, F., Glazebrook, J., Scheel, D. und Lee, J. (2011). Activation of the *Arabidopsis thaliana* mitogen-activated protein kinase MPK11 by the flagellin-derived elicitor peptide, flg22. Molecular Plant Microbe Interaction **25**(4): 471–480.

Bethke, G., Scheel, D. und Lee, J. (2009a). Sometimes new results raise new questions: the question marks between mitogen-activated protein kinase and ethylene signaling. Plant Signal Behaviour **4**(1559-2316): 672–674.

Bethke, G., Unthan, T., Uhrig, J. F., Pöschl, Y., Gust, A. A., Scheel, D. und Lee, J. (2009b). Flg22 regulates the release of an ethylene response factor substrate from MAP kinase 6 in *Arabidopsis thaliana* via ethylene signaling. Proceedings of the National Academy of Sciences **106**(19): 8067–8072.

Bi, D., Cheng, Y. T., Li, X. und Zhang, Y. (2010). Activation of plant immune responses by a gain-of-function mutation in an atypical receptor-like kinase. Plant Physiology **153**(4): 1771–1779.

Birkenbihl, R. P., Diezel, C. und Somssich, I. E. (2012). *Arabidopsis* WRKY33 is a key transcriptional regulator of hormonal and metabolic responses toward *Botrytis cinerea* infection. Plant Physiology **159**(1): 266–285.

Blokhina, O., Virolainen, E. und Fagersetdt, K. V. (2003). Antioxidants, oxidative damage and oxygen deprivation stress: a review. Annals of Botany **91**(2): 179–194.

Blume, B., Nürnberger, T., Nass, N. und Scheel, D. (2000). Receptor-mediated increase in cytoplasmic free calcium required for activation of pathogen defense in parsley. The Plant Cell Online **12**(8): 1425–1440.

Boersema, P. J., Mohammed, S. und Heck, A. J. R. (2009). Phosphopeptide fragmentation and analysis by mass spectrometry. Journal of Mass Spectrometry **44**(6): 861–878.

Bogamuwa, S. und Jang, J.-C., J.-C. (2013). The *Arabidopsis* tandem CCCH zinc finger proteins AtTZF4, 5 and 6 are involved in light-, abscisic acid- and gibberellic acid-mediated regulation of seed germination. Plant, Cell & Environment **36**(8): 1507–1519.

Boller, T. und Felix, G. (2009). A renaissance of elicitors: perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. Annual Review of Plant Biology **60**(1): 379–406.

Bolton, M. D. (2009). Primary metabolism and plant defense - fuel for the fire. Molecular Plant Microbe Interaction **22**(5): 487–497.

Böttcher, C., Westphal, L., Schmotz, C., Prade, E., Scheel, D. und Glawischnig, E. (2009). The multifunctional enzyme CYP71B15 (PHYTOALEXIN DEFICIENT3) converts cysteine-indole-3-acetonitrile to camalexin in the indole-3-acetonitrile metabolic network of *Arabidopsis thaliana*. The Plant Cell Online **21**(6): 1830–1845.

Boudsocq, M., Willmann, M. R., McCormack, M., Lee, H., Shan, L., He, P., Bush, J., Cheng, S.-H. und Sheen, J. (2010). Differential innate immune signalling via Ca^{2+} sensor protein kinases. Nature **464**(7287): 418–422.

Browne, L. M., Conn, K. L., Ayer, W. A. und Tewari, J. P. (1991). ChemInform abstract: camalexins: new phytoalexins produced in the leaves of *Camelina sativa* (Cruciferae). ChemInform **22**(35): 3909–14.

Brutus, A., Sicilia, F., Macone, A., Cervone, F. und De Lorenzo, G. (2010). A domain swap approach reveals a role of the plant wall-associated kinase 1 (WAK1) as a receptor of oligogalacturonides. Proceedings of the National Academy of Sciences **107**(20): 9452–9457.

van den Burg, H. A., Kini, R. K., Schuurink, R. C. und Takken, F. L. (2010). *Arabidopsis*sSmall ubiquitin-like modifier paralogs have distinct functions in development and defense. The Plant Cell Online **22**(6): 1998–2016.

Burow, M., Halkier, B. A. und Kliebenstein, D. J. (2010). Regulatory networks of glucosinolates shape *Arabidopsis thaliana* fitness. Current Opinion in Plant Biology **13**(3): 347 – 352.

Buxdorf, K., Yaffe, H., Barda, O. und Levy, M. (2013). The effects of glucosinolates and their breakdown products on necrotrophic fungi. PLoS ONE **8**(8): doi 10.1371/journal.pone.0070771.

Caspersen, M. B., Qiu, J.-L., Zhang, X., Andreasson, E., Næsted, H., Mundy, J. und Svensson, B. (2007). Phosphorylation sites of *Arabidopsis* MAP kinase substrate 1 (MKS1). Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics **1774**(9): 1156 – 1163.

Castrillo, G., Sánchez-Bermejo, E., de Lorenzo, L., Crevillén, P., Fraile-Escanciano, A., Tc, M., Mouriz, A., Catarecha, P., Sobrino-Plata, J., Olsson, S., Leo del Puerto, Y., Mateos, I., Rojo, E., Hernández, L. E., Jarillo, J. A., Piñeiro, M., Paz-Ares, J. und Leyva, A. (2013). WRKY6 transcription factor restricts arsenate uptake and transposon activation in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **25**(8): 2944–2957.

Cellar, N. A., Kuppannan, K., Langhorst, M. L., Ni, W., Xu, P. und Young, S. A. (2008). Cross species applicability of abundant protein depletion columns for ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase. Journal of Chromatography B **861**(1): 29 – 39.

Chang, L. und Karin, M. (2001). Mammalian MAP kinase signalling cascades. Nature **410**(6824): 37–40.

Chaouch, S., Queval, G. und Noctor, G. (2012). AtRbohF is a crucial modulator of defence-associated metabolism and a key actor in the interplay between intracellular oxidative stress and pathogenesis responses in *Arabidopsis*. The Plant Journal **69**(4): 613–627.

Chen, Y.-F., Li, L.-Q., Xu, Q., Kong, Y.-H., Wang, H. und Wu, W.-H. (2009). The WRKY6 transcription factor modulates PHOSPHATE1 expression in response to low Pi stress in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **21**(11): 3554–3566.

Cheng, Y., Zhou, Y., Yang, Y., Chi, Y.-J., Zhou, J., Chen, J.-Y., Wang, F., Fan, B., Shi, K., Zhou, Y.-H., Yu, J.-Q. und Chen, Z. (2012). Structural and functional analysis of VQ motif-containing proteins in *Arabidopsis* as interacting proteins of WRKY transcription factors. Plant Physiology **159**(2): 810–825.

Chico, J. M., Chini, A., Fonseca, S. und Solano, R. (2008). JAZ repressors set the rhythm in jasmonate signaling. Current Opinion in Plant Biology **11**(5): 486 – 494.

Chinchilla, D., Bauer, Z., Regenass, M., Boller, T. und Felix, G. (2006). The *Arabidopsis* receptor kinase FLS2 binds flg22 and determines the specificity of flagellin perception. The Plant Cell Online **18**(2): 465–476.

Chinchilla, D., Shan, L., He, P., de Vries, S. und Kemmerling, B. (2009). One for all: the receptor-associated kinase BAK1. Trends in Plant Science **14**(10): 535 – 541.

Chinchilla, D., Zipfel, C., Robatzek, S., Kemmerling, B., Nürnberger, T., Jones, J. D. G., Felix, G. und Boller, T. (2007). A flagellin-induced complex of the receptor FLS2 and BAK1 initiates plant defence. Nature **448**(7152): 497–500.

Chisholm, S. T., Coaker, G., Day, B. und Staskawicz, B. J. (2006). Host-microbe interactions: shaping the evolution of the plant immune response. Cell **124**(4): 803 – 814.

Clay, N. K., Adio, A. M., Denoux, C., Jander, G. und Ausubel, F. M. (2009). Glucosinolate metabolites required for an *Arabidopsis* innate immune response. Science **323**(5910): 95–101.

Colcombet, J., Berriri, S. und Hirt, H. (2013). Constitutively active MPK4 helps to clarify its role in plant immunity. Plant Signal Behaviour **8**(2): doi 10.1105/tpc.112.101253.

Colcombet, J. und Hirt, H. (2008). *Arabidopsis* MAPKs: a complex signalling network involved in multiple biological processes. Biochemical Journal **413**(2): 217–226.

Coletti-Previero, M.-A. und Previero, A. (1989). Alumina-phosphate complexes for immobilization of biomolecules. Analytical Biochemistry **180**(1): 1 – 10.

DanteR (2013). Pacific Northwest National Laboratory. http://omics.pnl.gov/software/DanteR.php.

Datta, R., Sinha, R. und Chattopadhyay, S. (2013). Changes in leaf proteome profile of *Arabidopsis thaliana* in response to salicylic acid. Journal of Biosciences **38(2)**: 317–28.

Delaney, T., Uknes, S., Vernooij, B., Friedrich, L., Weymann, K., Negrotto, D., Gaffney, T., Gut-Rella, M., Kessmann, H., Ward, E. und Ryals, J. (1994). A central role of salicylic acid in plant disease resistance. Science **266**(5188): 1247–50.

Denison, F. C., Paul, A.-L., Zupanska, A. K. und Ferl, R. J. (2011). 14-3-3 proteins in plant physiology. Seminars in Cell & Developmental Biology **22**(7): 720 – 727.

Denoux, C., Galletti, R., Mammarella, N., Gopalan, S., Werck, D., De Lorenzo, G., Ferrari, S., Ausubel, F. M. und Dewdney, J. (2008). Activation of defense response pathways by OGs and Flg22 elicitors in *Arabidopsis* seedlings. Molecular Plant **1**(3): 423–445.

Djamei, A., Pitzschke, A., Nakagami, H., Rajh, I. und Hirt, H. (2007). Trojan horse strategy in *Agrobacterium* transformation: abusing MAPK defense signaling. Science **318**(5849): 453–456.

Durek, P., Schmidt, R., Heazlewood, J. L., Jones, A., MacLean, D., Nagel, A., Kersten, B. und Schulze, W. X. (2010). PhosPhAt: the *Arabidopsis thaliana* phosphorylation site database. An update. Nucleic Acids Research **38**(Database issue): D828–D834.

Fahey, J. W., Zalcmann, A. T. und Talalay, P. (2001). The chemical diversity and distribution of glucosinolates and isothiocyanates among plants. Phytochemistry **56**(1): 5 – 51.

Felix, G., Duran, J. D., Volko, S. und Boller, T. (1999). Plants have a sensitive perception system for the most conserved domain of bacterial flagellin. The Plant Journal **18**(3): 265–276.

Field, B., Cardon, G., Traka, M., Botterman, J., Vancanneyt, G. und Mithen, R. (2004). Glucosinolate and amino acid biosynthesis in *Arabidopsis*. Plant Physiology **135**(2): 828–839.

Fíla, J. und Honys, D. (2012). Enrichment techniques employed in phosphoproteomics. Amino Acids **43**(3): 1025–1047.

Flor, H. H. (1942). Inheritance of pathogenicity in *Melampsora lini*. Phytopathology **32**: 653–669.

de la Fuente vanBentem, S., Anrather, D., Dohnal, I., Roitinger, E., Csaszar, E., Joore, J., Buijnink, J., Carreri, A., Forzani, C., Lorkovic, Z. J., Barta, A., Lecourieux, D., Verhounig,

A., Jonak, C. und Hirt, H. (2008). Site-specific phosphorylation profiling of *Arabidopsis* proteins by mass spectrometry and peptide chip analysis. Journal of Proteome Research **7**(6): 2458–2470.

de la Fuente vanBentem, S. und Hirt, H. (2009). Protein tyrosine phosphorylation in plants: more abundant than expected? Trends in Plant Science **14**(2): 71 – 76.

de la Fuente vanBentem, S., Roitinger, E., Anrather, D., Csaszar, E. und Hirt, H. (2006). Phosphoproteomics as a tool to unravel plant regulatory mechanisms. Physiologia Plantarum **126**(1): 110–119.

Gamir, J., Pastor, V., Cerezo, M. und Flors, V. (2012). Identification of indole-3-carboxylic acid as mediator of priming against *Plectosphaerella cucumerina*. Plant Physiology and Biochemistry **61**(0): 169 – 179.

Glawischnig, E. (2007). Camalexin. Phytochemistry **68**(4): 401 – 406.

Gómez-Gómez, L. und Boller, T. (2000). FLS2: An LRR receptor-like kinase involved in the perception of the bacterial elicitor flagellin in *Arabidopsis* . Molecular Cell **5**(6): 1003 – 1011.

Gómez-Gómez, L. und Boller, T. (2002). Flagellin perception: a paradigm for innate immunity. Trends in Plant Science **7**(6): 251 – 256.

Gómez-Gómez, L., Felix, G. und Boller, T. (1999). A single locus determines sensitivity to bacterial flagellin in *Arabidopsis thaliana*. The Plant Journal **18**(3): 277–284.

González Besteiro, M. A. und Ulm, R. (2013). Phosphorylation and Stabilization of *Arabidopsis* MAP Kinase Phosphatase 1 in Response to UV-B Stress. Journal of Biological Chemistry **288**(1): 480–486.

Grill, E., Löffler, S., Winnacker, E.-L. und Zenk, M. H. (1989). Phytochelatins, the heavy-metal-binding peptides of plants, are synthesized from glutathione by a specific γ-glutamylcysteine dipeptidyl transpeptidase (phytochelatin synthase). Proceedings of the National Academy of Sciences **86**(18): 6838–6842.

Grubb, C. D. und Abel, S. (2006). Glucosinolate metabolism and its control. Trends in Plant Science **11**(2): 89 – 100.

Gust, A. A., Biswas, R., Lenz, H. D., Rauhut, T., Ranf, S., Kemmerling, B., Götz, F., Glawischnig, E., Lee, J., Felix, G. und Nürnberger, T. (2007). Bacteria-derived peptidoglycans constitute pathogen-associated molecular patterns triggering innate immunity in *Arabidopsis*. Journal of Biological Chemistry **282**(44): 32338–32348.

Hamel, L.-P., Nicole, M.-C., Sritubtim, S., Morency, M.-J., Ellis, M., Ehlting, J., Beaudoin, N., Barbazuk, B., Klessig, D., Lee, J., Martin, G., Mundy, J., Ohashi, Y., Scheel, D., Sheen, J., Xing, T., Zhang, S., Seguin, A. und Ellis, B. E. (2006). Ancient signals: comparative genomics of plant MAPK and MAPKK gene families. Trends in Plant Science **11**(4): 192 – 198.

Heazlewood, J. L. (2011). The Green proteome: challenges in plant proteomics. Frontiers in Plant Science **2**(6): doi 10.3389/fpls.2011.00006.

Heese, A., Hann, D. R., Gimenez-Ibanez, S., Jones, A. M. E., He, K., Li, J., Schroeder, J. I., Peck, S. C. und Rathjen, J. P. (2007). The receptor-like kinase SERK3/BAK1 is a central regulator of innate immunity in plants. Proceedings of the National Academy of Sciences **104**(29): 12217–12222.

Herskowitz, I. (1995). MAP kinase pathways in yeast: For mating and more. Cell **80**(2): 187 – 197.

Hiruma, K., Fukunaga, S., Bednarek, P. und Takano, Y. (2013). Glutathione and tryptophan metabolites are key players in *Arabidopsis* nonhost resistance against *Colletotrichum gloeosporioides*. Plant Signal Behaviour **8**(9): doi 10.4161/psb.25603.

Hiruma, K., Onozawa-Komori, M., Takahashi, F., Asakura, M., Bednarek, P., Okuno, T., Schulze-Lefert, P. und Takano, Y. (2010). Entry mode-dependent function of an indole glucosinolate pathway in *Arabidopsis* for nonhost resistance against anthracnose pathogens. The Plant Cell Online **22**(7): 2429–2443.

Hodge, K., Have, S. T., Hutton, L. und Lamond, A. I. (2013). Cleaning up the masses: Exclusion lists to reduce contamination with HPLC-MS/MS. Journal of Proteomics **88**(0): 92 – 103.

Hoehenwarter, W., Thomas, M., Nukarinen, E., Egelhofer, V., Röhrig, H., Weckwerth, W., Conrath, U. und Beckers, G. J. M. (2013). Identification of novel in vivo MAP kinase substrates in *Arabidopsis thaliana* through use of tandem metal oxide affinity chromatography. Molecular & Cellular Proteomics **12**(2): 369–380.

Hopkins, R. J., van Dam, N. M. und van Loon, J. J. (2009). Role of glucosinolates in insect-plant relationships and multitrophic interactions. Annual Review of Entomology **54**(1): 57–83.

Hückelhoven, R. (2007). Cell wall-associated mechanisms of disease resistance and susceptibility. Annual Review of Phytopathology **45**(1): 101–127.

Hunter, T. (2000). Signaling - 2000 and beyond. Cell **100**(1): 113 – 127.

Ichimura, K., Shinozaki, K., Tena, G., Sheen, J., Henry, Y., Champion, A., Kreis, M., Zhang, S., Hirt, H., Wilson, C., Heberle-Bors, E., Ellis, B. E., Morris, P. C., Innes, R. W., Ecker, J. R., Scheel, D., Klessig, D. F., Machida, Y., Mundy, J., Ohashi, Y. und Walker, J. C. (2002). Mitogen-activated protein kinase cascades in plants: a new nomenclature. Trends in Plant Science **7**(7): 301 – 308.

Ito, J., Taylor, N. L., Castleden, I., Weckwerth, W., Millar, A. H. und Heazlewood, J. L. (2009). A survey of the *Arabidopsis thaliana* mitochondrial phosphoproteome. Proteomics **9**(17): 4229–4240.

Jabs, T., Tschöpe, M., Colling, C., Hahlbrock, K. und Scheel, D. (1997). Elicitor-stimulated ion fluxes and O_2- from the oxidative burst are essential components in triggering defense gene activation and phytoalexin synthesis in parsley. Proceedings of the National Academy of Sciences **94**(9): 4800–4805.

Jeworutzki, E., Roelfsema, M. R. G., Anschütz, U., Krol, E., Elzenga, J. T. M., Felix, G., Boller, T., Hedrich, R. und Becker, D. (2010). Early signaling through the *Arabidopsis* pattern recognition receptors FLS2 and EFR involves Ca^{2+}-associated opening of plasma membrane anion channels. The Plant Journal **62**(3): 367–378.

Jonak, C., Ökrész, L., Bögre, L. und Hirt, H. (2002). Complexity, cross talk and integration of plant MAP kinase signalling. Current Opinion in Plant Biology **5**(5): 415 – 424.

Jones, A., Thomas, V., Bennett, M. H., Mansfield, J. und Grant, M. (2006). Modifications to the *Arabidopsis* defense proteome occur prior to significant transcriptional change in response to inoculation with *Pseudomonas syringae*. Plant Physiology **142**(4): 1603–1620.

Jones, A. M., MacLean, D., Studholme, D. J., Serna-Sanz, A., Andreasson, E., Rathjen, J. P. und Peck, S. C. (2009). Phosphoproteomic analysis of nuclei-enriched fractions from *Arabidopsis thaliana* . Journal of Proteomics **72**(3): 439 – 451.

Jones, A. M., Thomas, V., Truman, B., Lilley, K., Mansfield, J. und Grant, M. (2004). Specific changes in the *Arabidopsis* proteome in response to bacterial challenge: differentiating basal and R-gene mediated resistance. Phytochemistry **65**(12): 1805 – 1816.

Jones, J. D. G. und Dangl, J. L. (2006). The plant immune system. Nature **444**(7117): 323–329.

de Jonge, R., Peter van Esse, H., Kombrink, A., Shinya, T., Desaki, Y., Bours, R., van der Krol, S., Shibuya, N., Joosten, M. H. A. J. und Thomma, B. P. H. J. (2010). Conserved fungal LysM effector Ecp6 prevents chitin-triggered immunity in plants. Science **329**(5994): 953–955.

Joo, S., Liu, Y., Lueth, A. und Zhang, S. (2008). MAPK phosphorylation-induced stabilization of ACS6 protein is mediated by the non-catalytic C-terminal domain, which also contains the cis-determinant for rapid degradation by the 26S proteasome pathway. The Plant Journal **54**(1): 129–140.

Joshi, H., Hirsch-Hoffmann, M., Baerenfaller, K., Gruissem, W., Baginsky, S., Schmidt, R., Schulze, W., Sun, Q., van Wijk, K., Egelhofer, V., Wienkoop, S., Weckwerth, W., Bruley, C., Rolland, R., Toyoda, T., Nakagam, H., Jones, A., Briggs, S., Castleden, I., Tanz, S., Millar, A. und Heazlewood, J. (2011). MASCP Gator: An aggregation portal for the visualization of *Arabidopsis* proteomics data. Plant Physiology **155**: 259–270.

Joubert, A., Bataille-Simoneau, N., Campion, C., Guillemette, T., Hudhomme, P., Iacomi-Vasilescu, B., Leroy, T., Pochon, S., Poupard, P. und Simoneau, P. (2011). Cell wall integrity and high osmolarity glycerol pathways are required for adaptation of *Alternaria brassicicola* to cell wall stress caused by brassicaceous indolic phytoalexins. Cellular Microbiology **13**(1): 62–80.

Klein, A. P., Anarat-Cappillino, G. und Sattely, E. S. (2013). Minimum set of cytochromes P450 for reconstituting the biosynthesis of camalexin, a major *Arabidopsis* antibiotic. Angewandte Chemie International Edition **52**(51): 13625–13628.

Kliebenstein, D. J., Rowe, H. C. und Denby, K. J. (2005). Secondary metabolites influence *Arabidopsis*/*Botrytis* interactions: variation in host production and pathogen sensitivity. The Plant Journal **44**(1): 25–36.

Knoester, M., Linthorst, H., Bol, J. und Loon, L. V. (2001). Involvement of ethylene in lesion development and systemic acquired resistance in tobacco during the hypersensitive reaction to tobacco mosaic virus. Physiological and Molecular Plant Pathology **59**(1): 45 – 57.

Köhle, H., Jeblick, W., Poten, F., Blaschek, W. und Kauss, H. (1985). Chitosan-elicited callose synthesis in soybean cells as a Ca^{2+}-dependent process. Plant Physiology **77**(3): 544–551.

Koroleva, O. A., Davies, A., Deeken, R., Thorpe, M. R., Tomos, A. D. und Hedrich, R. (2000). Identification of a new glucosinolate-rich cell type in *Arabidopsis* flower stalk. Plant Physiology **124**(2): 599–608.

Koussevitzky, S., Suzuki, N., Huntington, S., Armijo, L., Sha, W., Cortes, D., Shulaev, V. und Mittler, R. (2008). Ascorbate Peroxidase 1 plays a key role in the response of *Arabidopsis thaliana* to stress combination. Journal of Biological Chemistry **283**(49): 34197–34203.

Kunze, G., Zipfel, C., Robatzek, S., Niehaus, K., Boller, T. und Felix, G. (2004). The N-terminus of bacterial elongation factor Tu elicits innate immunity in *Arabidopsis* plants. The Plant Cell Online **16**(12): 3496–3507.

Laemmli, U. K. (1970). Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. Nature **227**(5259): 680–685.

Lai, Z., Li, Y., Wang, F., Cheng, Y., Fan, B., Yu, J.-Q. und Chen, Z. (2011). *Arabidopsis* sigma factor binding proteins are activators of the WRKY33 transcription factor in plant defense. The Plant Cell Online **23**(10): 3824–3841.

Lai, Z., Vinod, K., Zheng, Z., Fan, B. und Chen, Z. (2008). Roles of *Arabidopsis* WRKY3 and WRKY4 transcription factors in plant responses to pathogens. BMC Plant Biology **8**(1): 68.

Lassowskat, I. (2008). Optimierung, Erweiterung und Anwendung der Metalloxid-Affinitätschromatographie zur Phosphoproteomanalyse von *Arabidopsis thaliana*. Diplomarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

Lee, J., Nam, J., Park, H. C., Na, G., Miura, K., Jin, J. B., Yoo, C. Y., Baek, D., Kim, D. H., Jeong, J. C., Kim, D., Lee, S. Y., Salt, D. E., Mengiste, T., Gong, Q., Ma, S., Bohnert, H. J., Kwak, S.-S., Bressan, R. A., Hasegawa, P. M. und Yun, D.-J. (2007). Salicylic acid-mediated innate immunity in *Arabidopsis* is regulated by SIZ1 SUMO E3 ligase. The Plant Journal **49**(1): 79–90.

Lee, J., Rudd, J. J., Macioszek, V. K. und Scheel, D. (2004). Dynamic changes in the localization of MAPK cascade components controlling pathogenesis-related (PR) gene expression during innate immunity in parsley. Journal of Biological Chemistry **279**(21): 22440–22448.

Lee, J. S. und Ellis, B. E. (2007). *Arabidopsis* MAPK Phosphatase 2 (MKP2) positively regulates oxidative stress tolerance and inactivates the MPK3 and MPK6 MAPKs. Journal of Biological Chemistry **282**(34): 25020–25029.

Lee, S.-j., Jung, H. J., Kang, H. und Kim, S. Y. (2012). *Arabidopsis* zinc finger proteins AtC3H49/AtTZF3 and AtC3H20/AtTZF2 are involved in ABA and JA responses. Plant and Cell Physiology **53**(4): 673–686.

Lenman, M., Sorensson, C. und Andreasson, E. (2008). Enrichment of phosphoproteins and phosphopeptide derivatization identify universal stress proteins in elicitor-treated *Arabidopsis*. Molecular Plant Microbe Interaction **21**(10): 1275–1284.

Li, G., Meng, X., Wang, R., Mao, G., Han, L., Liu, Y. und Zhang, S. (2012). Dual-level regulation of ACC synthase activity by MPK3/MPK6 cascade and its downstream WRKY transcription factor during ethylene induction in *Arabidopsis*. PLoS Genet **8**(6): doi 10.1371/journal.pgen.1002767.

Li, J., Wen, J., Lease, K. A., Doke, J. T., Tax, F. E. und Walker, J. C. (2002). BAK1, an *Arabidopsis* LRR receptor-like protein kinase, interacts with BRI1 and modulates brassinosteroid signaling. Cell **110**(2): 213–222.

Lieberherr, D., Wagner, U., Dubuis, P.-H., Métraux, J.-P. und Mauch, F. (2003). The rapid induction of glutathione S-transferases AtGSTF2 and AtGSTF6 by avirulent *Pseudomonas syringae* is the result of combined salicylic acid and ethylene signaling. Plant and Cell Physiology **44**(7): 750–757.

Lim, Y.-P., Diong, L.-S., Qi, R., Druker, B. J. und Epstein, R. J. (2003). Phosphoproteomic fingerprinting of epidermal growth factor signaling and anticancer drug action in human tumor cells. Molecular Cancer Therapeutics **2**(12): 1369–1377.

Lipka, V., Dittgen, J., Bednarek, P., Bhat, R., Wiermer, M., Stein, M., Landtag, J., Brandt, W., Rosahl, S., Scheel, D., Llorente, F., Molina, A., Parker, J., Somerville, S. und Schulze-Lefert, P. (2005). Pre- and postinvasion defenses both contribute to nonhost resistance in *Arabidopsis*. Science **310**(5751): 1180–1183.

Liu, Y., Ren, D., Pike, S., Pallardy, S., Gassmann, W. und Zhang, S. (2007). Chloroplast-generated reactive oxygen species are involved in hypersensitive response-like cell death mediated by a mitogen-activated protein kinase cascade. The Plant Journal **51**(6): 941–954.

Liu, Y. und Zhang, S. (2004). Phosphorylation of 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase by MPK6, a stress-responsive mitogen-activated protein kinase, induces ethylene biosynthesis in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **16**(12): 3386–3399.

Lu, D., Liu, R. Z., Izumi, V., Fenstermacher, D., Haura, E. B., Koomen, J. und Eschrich, S. A. (2008). IPEP: an in silico tool to examine proteolytic peptides for mass spectrometry. Bioinformatics **24**(23): 2801–2802.

Luan, S. (2002). Tyrosine phosphorylation in plant cell signaling. Proceedings of the National Academy of Sciences **99**(18): 11567–11569.

Luna, E., Pastor, V., Robert, J., Flors, V., Mauch-Mani, B. und Ton, J. (2010). Callose deposition: A multifaceted plant defense response. Molecular Plant Microbe Interaction **24**(2): 183–193.

Malamy, J., Carr, J., Klessig, D. und Raskin, I. (1990). Salicylic acid: A likely endogenous signal in the resistance response of tobacco to viral infection. Science **250**(4983): 1002–4.

Manning, G., Plowman, G. D., Hunter, T. und Sudarsanam, S. (2002). Evolution of protein kinase signaling from yeast to man. Trends in Biochemical Sciences **27**(10): 514–520.

Mao, G., Meng, X., Liu, Y., Zheng, Z., Chen, Z. und Zhang, S. (2011). Phosphorylation of a WRKY transcription factor by two pathogen-responsive MAPKs drives phytoalexin biosynthesis in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **23**(4): 1639–1653.

Marazita, M. C., Ogara, M. F., Sonzogni, S. V., Martí, M., Dusetti, N. J., Pignataro, O. P. und Cánepa, E. T. (2012). CDK2 and PKA mediated-sequential phosphorylation is critical for p19INK4d function in the DNA damage response. PLoS ONE **7**(4): doi 10.1371/journal.pone.0035638.

Marrs, K. A. (1996). The functions and regulation of glutathione-S-transferases in plants. Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology **47**(1): 127–158.

Maruta, T., Inoue, T., Noshi, M., Tamoi, M., Yabuta, Y., Yoshimura, K., Ishikawa, T. und Shigeoka, S. (2012). Cytosolic ascorbate peroxidase 1 protects organelles against oxidative stress by wounding- and jasmonate-induced H_2O_2 in *Arabidopsis* plants. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects **1820**(12): 1901 – 1907.

Mayya, V., Rezaul, K., Cong, Y.-S. und Han, D. (2005). Systematic comparison of a two-dimensional ion trap and a three-dimensional ion trap mass spectrometer in proteomics. Molecular & Cellular Proteomics **4**(2): 214–223.

Medzhitov, R. und Jr, C. A. J. (1997). Innate immunity: impact on the adaptive immune response. Current Opinion in Immunology **9**(1): 4 – 9.

Meindl, T., Boller, T. und Felix, G. (2000). The bacterial elicitor flagellin activates its receptor in tomato cells according to the address–message concept. The Plant Cell Online **12**(9): 1783–1794.

Melotto, M., Underwood, W., Koczan, J., Nomura, K. und He, S. Y. (2006). Plant stomata function in innate immunity against bacterial invasion. Cell **126**(5): 969 – 980.

Merkouropoulos, G., Andreasson, E., Hess, D., Boller, T. und Peck, S. C. (2008). An *Arabidopsis* protein phosphorylated in response to microbial elicitation, AtPHOS32, is a substrate of MAP kinases 3 and 6. Journal of Biological Chemistry **283**(16): 10493–10499.

Michalski, A., Damoc, E., Lange, O., Denisov, E., Nolting, D., Müller, M., Viner, R., Schwartz, J., Remes, P., Belford, M., Dunyach, J.-J., Cox, J., Horning, S., Mann, M. und Makarov, A. (2012). Ultra high resolution linear ion trap Orbitrap mass spectrometer (Orbitrap Elite) facilitates top down LC MS/MS and versatile peptide fragmentation modes. Molecular & Cellular Proteomics **11**(3): doi 10.1074/mcp.O111.013698.

Miller, M. J., Scalf, M., Rytz, T. C., Hubler, S. L., Smith, L. M. und Vierstra, R. D. (2013). Quantitative proteomics reveals factors regulating RNA biology as dynamic targets of stress-induced SUMOylation in *Arabidopsis*. Molecular & Cellular Proteomics **12**(2): 449–463.

Millet, Y. A., Danna, C. H., Clay, N. K., Songnuan, W., Simon, M. D., Werck-Reichhart, D. und Ausubel, F. M. (2010). Innate immune responses activated in *Arabidopsis* roots by microbe-associated molecular patterns. The Plant Cell Online **22**(3): 973–990.

Mishina, T. E. und Zeier, J. (2007). Pathogen-associated molecular pattern recognition rather than development of tissue necrosis contributes to bacterial induction of systemic acquired resistance in *Arabidopsis*. The Plant Journal **50**(3): 500–513.

Mithoe, S. C. und Menke, F. L. (2011). Phosphoproteomics perspective on plant signal transduction and tyrosine phosphorylation. Phytochemistry **72**(10): 997 – 1006.

Mittler, R., Vanderauwera, S., Gollery, M. und Breusegem, F. V. (2004). Reactive oxygen gene network of plants. Trends in Plant Science **9**(10): 490 – 498.

Miya, A., Albert, P., Shinya, T., Desaki, Y., Ichimura, K., Shirasu, K., Narusaka, Y., Kawakami, N., Kaku, H. und Shibuya, N. (2007). CERK1, a LysM receptor kinase, is essential for chitin elicitor signaling in *Arabidopsis*. Proceedings of the National Academy of Sciences **104**(49): 19613–19618.

Modolo, L. V., Augusto, O., Almeida, I. M., Pinto-Maglio, C. A., Oliveira, H. C., Seligman, K. und Salgado, I. (2006). Decreased arginine and nitrite levels in nitrate reductase-deficient *Arabidopsis thaliana* plants impair nitric oxide synthesis and the hypersensitive response to *Pseudomonas syringae*. Plant Science **171**(1): 34 – 40.

Monavarfeshani, A., Mirzaei, M., Sarhadi, E., Amirkhani, A., Khayam Nekouei, M., Haynes, P. A., Mardi, M. und Salekdeh, G. H. (2013). Shotgun proteomic analysis of the mexican lime tree infected with *CandidatusPhytoplasma aurantifolia*. Journal of Proteome Research **12**(2): 785–795.

Morris, K., Mackerness, S. A. H., Page, T., John, C. F., Murphy, A. M., Carr, J. P. und Buchanan-Wollaston, V. (2000). Salicylic acid has a role in regulating gene expression during leaf senescence. The Plant Journal **23**(5): 677–685.

Muroi, A., Ishihara, A., Tanaka, C., Ishizuka, A., Takabayashi, J., Miyoshi, H. und Nishioka, T. (2009). Accumulation of hydroxycinnamic acid amides induced by pathogen infection and identification of agmatine coumaroyltransferase in *Arabidopsis thaliana*. Planta **230**(3): 517–527.

Muroi, A., Matsui, K., Shimoda, T., Kihara, H., Ozawa, R., Ishihara, A., Nishihara, M. und ichiro Arimura, G. (2013). Acquired immunity of transgenic torenia plants overexpressing agmatine coumaroyltransferase to pathogens and herbivore pests. Scientific Reports **2**: doi 10.1038/srep00689.

Naito, K., Taguchi, F., Suzuki, T., Inagaki, Y., Toyoda, K., Shiraishi, T. und Ichinose, Y. (2008). Amino acid sequence of bacterial microbe-associated molecular pattern flg22 is required for virulence. Molecular Plant Microbe Interaction **21**(9): 1165–1174.

Nakagami, H., Sugiyama, N., Ishihama, Y. und Shirasu, K. (2012). Shotguns in the front line: phosphoproteomics in plants. Plant and Cell Physiology **53**(1): 118–124.

Narusaka, Y., Shinya, T., Narusaka, M., Motoyama, N., Shimada, H., Murakami, K. und Shibuya, N. (2013). Presence of LYM2 dependent but CERK1 independent disease resistance in *Arabidopsis*. Plant Signal Behaviour **8**(1559-2316): doi 10.4161/psb.25345.

Navarro, L., Zipfel, C., Rowland, O., Keller, I., Robatzek, S., Boller, T. und Jones, J. D. (2004). The transcriptional innate immune response to flg22. Interplay and overlap with Avr gene-dependent defense responses and bacterial pathogenesis. Plant Physiology **135**(2): 1113–1128.

Navazio, L., Moscatiello, R., Bellincampi, D., Baldan, B., Meggio, F., Brini, M., Bowler, C. und Mariani, P. (2002). The role of calcium in oligogalacturonide-activated signalling in soybean cells. Planta **215**(4): 596–605.

Neill, S. J., Desikan, R., Clarke, A., Hurst, R. D. und Hancock, J. T. (2002). Hydrogen peroxide and nitric oxide as signalling molecules in plants. Journal of Experimental Botany **53**(372): 1237–1247.

Neville, D. C. A., Townsend, R. R., Rozanas, C. R., Verkman, A. S., Price, E. M. und Gruis, D. B. (1997). Evidence for phosphorylation of serine 753 in CFTR using a novel metal-ion affinity resin and matrix-assisted laser desorption mass spectrometry. Protein Science **6**(11): 2436–2445.

Niyogi, K. K. (2000). Safety valves for photosynthesis. Current Opinion in Plant Biology **3**(6): 455 – 460.

NonlinearDynamics (2013). Progenesis LC-MS Normalisation. http://www.nonlinear.com/support/progenesis/lc-ms/faq/v4.1/how-normalisation-works.aspx.

O'Donovan, D. S., MacFhearraigh, S., Whitfield, J., Swigart, L. B., Evan, G. I. und McGee, M. M. (2013). Sequential Cdk1 and Plk1 phosphorylation of protein tyrosine phosphatase 1B promotes mitotic cell death. Cell Death Dis **4**: doi 10.1038/cddis.2012.208.

Oh, C.-S., Pedley, K. F. und Martin, G. B. (2010). Tomato 14-3-3 protein 7 positively regulates immunity-associated programmed cell death by enhancing protein abundance and signaling ability of MAPKKK α. The Plant Cell Online **22**(1): 260–272.

Oudenhove, L. und Devreese, B. (2013). A review on recent developments in mass spectrometry instrumentation and quantitative tools advancing bacterial proteomics. Applied Microbiology and Biotechnology **97**(11): 4749–4762.

Pace, C. N., Treviño, S., Prabhakaran, E. und Martin Scholtz, J. (2004). Protein structure, stability and solubility in water and other solvents. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences **359**(1448): 1225–1235.

Pandey, S. P., Roccaro, M., Schön, M., Logemann, E. und Somssich, I. E. (2010). Transcriptional reprogramming regulated by WRKY18 and WRKY40 facilitates powdery mildew infection of *Arabidopsis*. The Plant Journal **64**(6): 912–923.

Park, H., Song, E., Nguyen, X., Lee, K., Kim, K., Kim, H., Lee, S., Kim, S., Bae, D., Yun, D.-J. und Chung, W. (2011). *Arabidopsis* MAP kinase phosphatase 1 is phosphorylated and activated by its substrate AtMPK6. Plant Cell Reports **30**(8): 1523–1531.

Paul, A.-L., Dension, F. C., Schultz, E. R., Zupanska, A. K. und Ferl, R. J. (2012). 14-3-3 phosphoprotein interaction networks – does isoform diversity present functional interaction specification? Frontiers in Plant Science **3**(190): doi 10.3389/fpls.2012.00190.

Pedras, M. S. C., Hossain, S. und Snitynsky, R. B. (2011). Detoxification of cruciferous phytoalexins in *Botrytis cinerea*: Spontaneous dimerization of a camalexin metabolite. Phytochemistry **72**(2-3): 199 – 206.

Pelloux, J., Rustérucci, C. und Mellerowicz, E. J. (2007). New insights into pectin methylesterase structure and function. Trends in Plant Science **12**(6): 267 – 277.

Penninckx, I. A. M. A., Thomma, B. P. H. J., Buchala, A., Métraux, J.-P. und Broekaert, W. F. (1998). Concomitant activation of jasmonate and ethylene response pathways is required for induction of a plant defensin gene in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **10**(12): 2103–2113.

Petersen, K., Qiu, J.-L., Lütje, J., Fiil, B. K., Hansen, S., Mundy, J. und Petersen, M. (2010). *Arabidopsis* MKS1 is involved in basal immunity and requires an intact N-terminal domain for proper function. PLoS ONE **5**(12): doi 10.1371/journal.pone.0014364.

Petricka, J. J., Schauer, M. A., Megraw, M., Breakfield, N. W., Thompson, J. W., Georgiev, S., Soderblom, E. J., Ohler, U., Moseley, M. A., Grossniklaus, U. und Benfey, P. N. (2012). The protein expression landscape of the *Arabidopsis* root. Proceedings of the National Academy of Sciences **109**(18): 6811–6818.

Pfalz, M., Mikkelsen, M. D., Bednarek, P., Olsen, C. E., Halkier, B. A. und Kroymann, J. (2011). Metabolic engineering in *Nicotiana benthamiana* reveals key enzyme functions in *Arabidopsis* indole glucosinolate modification. The Plant Cell Online **23**(2): 716–729.

Pitzschke, A., Djamei, A., Teige, M. und Hirt, H. (2009a). VIP1 response elements mediate mitogen-activated protein kinase 3-induced stress gene expression. Proceedings of the National Academy of Sciences **106**(43): 18414–18419.

Pitzschke, A., Schikora, A. und Hirt, H. (2009b). MAPK cascade signalling networks in plant defence. Current Opinion in Plant Biology **12**(4): 421 – 426.

Poeschl, Y., Delker, C., Trenner, J., Ullrich, K. K., Quint, M. und Grosse, I. (2013). Optimized probe masking for comparative transcriptomics of closely related species. PLoS ONE **8**(11): doi 10.1371/journal.pone.0078497.

Pomeranz, M. C., Hah, C., Lin, P.-C., Kang, S. G., Finer, J. J., Blackshear, P. J. und Jang, J.-C. (2010). The *Arabidopsis* tandem zinc finger protein AtTZF1 traffics between the nucleus and cytoplasmic foci and binds both DNA and RNA. Plant Physiology **152**(1): 151–165.

Povero, G., Loreti, E., Pucciariello, C., Santaniello, A., Tommaso, D., Tommaso, G., Kapetis, D., Zolezzi, F., Piaggesi, A. und Perata, P. (2011). Transcript profiling of chitosan-treated *Arabidopsis* seedlings. Journal of Plant Research **124**(5): 619–629.

Pugin, A., Frachisse, J. M., Tavernier, E., Bligny, R., Gout, E., Douce, R. und Guern, J. (1997). Early events induced by the elicitor cryptogein in tobacco cells: Involvement of a plasma membrane NADPH oxidase and activation of glycolysis and the pentose phosphate pathway. The Plant Cell Online **9**(11): 2077–2091.

Qiu, J.-L., Fiil, B. K., Petersen, K., Nielsen, H. B., Botanga, C. J., Thorgrimsen, S., Palma, K., Suarez-Rodriguez, M. C., Sandbech-Clausen, S., Lichota, J., Brodersen, P., Grasser, K. D., Mattsson, O., Glazebrook, J., Mundy, J. und Petersen, M. (2008). *Arabidopsis* MAP kinase 4 regulates gene expression through transcription factor release in the nucleus. EMBO J **27**(16): 2214–2221.

Quirino, B., Normanly, J. und Amasino, R. (1999). Diverse range of gene activity during *Arabidopsis thaliana* leaf senescence includes pathogen-independent induction of defense-related genes. Plant Molecular Biology **40**(2): 267–278.

Quirino, B. F., Noh, Y.-S., Himelblau, E. und Amasino, R. M. (2000). Molecular aspects of leaf senescence. Trends in Plant Science **5**(7): 278 – 282.

Ramonell, K. M., Zhang, B., Ewing, R. M., Chen, Y., Xu, D., Stacey, G. und Somerville, S. (2002). Microarray analysis of chitin elicitation in *Arabidopsis thaliana*. Molecular Plant Pathology **3**(5): 301–311.

Ranf, S., Eschen-Lippold, L., Pecher, P., Lee, J. und Scheel, D. (2011). Interplay between calcium signalling and early signalling elements during defence responses to microbe- or damage-associated molecular patterns. The Plant Journal **68**(1): 100–113.

Rea, P. A., Li, Z.-S., Lu, Y.-P., Drozdowicz, Y. M. und Martinoia, E. (1998). From vacuolar GS-X pumps to multispecific ABC transporters. Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology **49**(1): 727–760.

Reményi, A., Good, M. C., Bhattacharyya, R. P. und Lim, W. A. (2005). The role of docking interactions in mediating signaling input, output, and discrimination in the yeast MAPK network. Molecular Cell **20**(6): 951 – 962.

Reményi, A., Good, M. C. und Lim, W. A. (2006). Docking interactions in protein kinase and phosphatase networks. Current Opinion in Structural Biology **16**(6): 676 – 685.

Ren, D., Liu, Y., Yang, K.-Y., Han, L., Mao, G., Glazebrook, J. und Zhang, S. (2008). A fungal-responsive MAPK cascade regulates phytoalexin biosynthesis in *Arabidopsis*. Proceedings of the National Academy of Sciences **105**(14): 5638–5643.

Richards, C. L., Rosas, U., Banta, J., Bhambhra, N. und Purugganan, M. D. (2012). Genome-wide patterns of *Arabidopsis* gene expression in nature. PLoS Genet **8**(4): doi 10.1371/journal.pgen.1002662.

Robatzek, S. und Somssich, I. E. (2001). A new member of the *Arabidopsis* WRKY transcription factor family, AtWRKY6, is associated with both senescence- and defence-related processes. The Plant Journal **28**(2): 123–133.

Robatzek, S. und Somssich, I. E. (2002). Targets of AtWRKY6 regulation during plant senescence and pathogen defense. Genes & Development **16**(9): 1139–1149.

Robert-Seilaniantz, A., MacLean, D., Jikumaru, Y., Hill, L., Yamaguchi, S., Kamiya, Y. und Jones, J. D. G. (2011). The microRNA miR393 re-directs secondary metabolite biosynthesis away from camalexin and towards glucosinolates. The Plant Journal **67**(2): 218–231.

von Röpenack, E., Parr, A. und Schulze-Lefert, P. (1998). Structural analyses and dynamics of soluble and cell wall-bound phenolics in a broad spectrum resistance to the powdery mildew fungus in barley. Journal of Biological Chemistry **273**(15): 9013–9022.

Sakurai, T., Yamada, Y., Sawada, Y., Matsuda, F., Akiyama, K., Shinozaki, K., Hirai, M. Y. und Saito, K. (2013). PRIMe update: Innovative content for plant metabolomics and integration of gene expression and metabolite accumulation. Plant and Cell Physiology **54**(2): doi 10.1093/pcp/pcs184.

Sanchez-Vallet, A., Ramos, B., Bednarek, P., López, G., Pislewska-Bednarek, M., Schulze-Lefert, P. und Molina, A. (2010). Tryptophan-derived secondary metabolites in *Arabidopsis thaliana* confer non-host resistance to necrotrophic *Plectosphaerella cucumerina* fungi. The Plant Journal **63**(1): 115–127.

Sasaki, Y., Asamizu, E., Shibata, D., Nakamura, Y., Kaneko, T., Awai, K., Amagai, M., Kuwata, C., Tsugane, T., Masuda, T., Shimada, H., Takamiya, K.-i., Ohta, H. und Tabata, S. (2001). Monitoring of methyl jasmonate-responsive genes in *Arabidopsis* by cDNA macroarray: Self-activation of jasmonic acid biosynthesis and crosstalk with other phytohormone signaling pathways. DNA Research **8**(4): 153–161.

Schaller, A. (2004). A cut above the rest: the regulatory function of plant proteases. Planta **220**(2): 183–197.

Schmohl, N., Pilling, J., Fisahn, J. und Horst, W. J. (2000). Pectin methylesterase modulates aluminium sensitivity in *Zea mays* and *Solanum tuberosum*. Physiologia Plantarum **109**(4): 419–427.

Schulze, B., Mentzel, T., Jehle, A. K., Mueller, K., Beeler, S., Boller, T., Felix, G. und Chinchilla, D. (2010). Rapid heteromerization and phosphorylation of ligand-activated plant transmembrane receptors and their associated kinase BAK1. Journal of Biological Chemistry **285**(13): 9444–9451.

Schulze, W. X. und Usadel, B. (2010). Quantitation in mass-spectrometry-based proteomics. Annual Review of Plant Biology **61**(1): 491–516.

Schweighofer, A., Kazanaviciute, V., Scheikl, E., Teige, M., Doczi, R., Hirt, H., Schwanninger, M., Kant, M., Schuurink, R., Mauch, F., Buchala, A., Cardinale, F. und Meskiene, I. (2007). The PP2C-type phosphatase AP2C1, which negatively regulates MPK4 and MPK6, modulates innate immunity, jasmonic acid, and ethylene levels in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **19**(7): 2213–2224.

Schwessinger, B. und Ronald, P. C. (2012). Plant innate immunity: perception of conserved microbial signatures. Annual Review of Plant Biology **63**(1): 451–482.

Schwessinger, B., Roux, M., Kadota, Y., Ntoukakis, V., Sklenar, J., Jones, A. und Zipfel, C. (2011). Phosphorylation-dependent differential regulation of plant growth, cell death, and innate immunity by the regulatory receptor-like kinase BAK1. PLoS Genet **7**(4): doi 10.1371/journal.pgen.1002046.

Sehnke, P. C., DeLille, J. M. und Ferl, R. J. (2002). Consummating signal transduction: The role of 14-3-3 proteins in the completion of signal-induced transitions in protein activity. The Plant Cell Online **14**(suppl 1): S339–S354.

Sellam, A., Iacomi-Vasilescu, B., Hudhomme, P. und Simoneau, P. (2007). In vitro antifungal activity of brassinin, camalexin and two isothiocyanates against the crucifer pathogens *Alternaria brassicicola* and *Alternaria brassicae*. Plant Pathology **56**(2): 296–301.

Sewelam, N., Kazan, K., Thomas-Hall, S. R., Kidd, B. N., Manners, J. M. und Schenk, P. M. (2013). Ethylene response factor 6 is a regulator of reactive oxygen species signaling in *Arabidopsis*. PLoS ONE **8**(8): doi 10.1371/journal.pone.0070289.

Shannon, P., Markiel, A., Ozier, O., Baliga, N. S., Wang, J. T., Ramage, D., Amin, N., Schwikowski, B. und Ideker, T. (2003). Cytoscape: A software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. Genome Research **13**(11): 2498–2504.

Shen, Y. H., Godlewski, J., Bronisz, A., Zhu, J., Comb, M. J., Avruch, J. und Tzivion, G. (2003). Significance of 14-3-3 self-dimerization for phosphorylation-dependent target binding. Molecular Biology of the Cell **14**(11): 4721–4733.

Shiu, S.-H. und Bleecker, A. B. (2001). Receptor-like kinases from *Arabidopsis* form a monophyletic gene family related to animal receptor kinases. Proceedings of the National Academy of Sciences **98**(19): 10763–10768.

Shlezinger, N., Minz, A., Gur, Y., Hatam, I., Dagdas, Y. F., Talbot, N. J. und Sharon, A. (2011). Anti-apoptotic machinery protects the necrotrophic fungus *Botrytis cinerea* from host-induced apoptotic-like cell death during plant infection. PLoS Pathog **7**(8): doi 10.1371/journal.ppat.1002185.

Shroff, R., Vergara, F., Muck, A., Svatoš, A. und Gershenzon, J. (2008). Nonuniform distribution of glucosinolates in *Arabidopsis thaliana* leaves has important consequences for plant defense. Proceedings of the National Academy of Sciences **105**(16): 6196–6201.

Smith, K. D., Andersen-Nissen, E., Hayashi, F., Strobe, K., Bergman, M. A., Barrett, S. L. R., Cookson, B. T. und Aderem, A. (2003). Toll-like receptor 5 recognizes a conserved site on flagellin required for protofilament formation and bacterial motility. Nat Immunol **4**(12): 1247–1253.

Snoek, L. B., Terpstra, I. R., Dekter, R., Van den Ackerveken, G. und Peeters, A. J. (2013). Genetical genomics reveals large scale genotype-by-environment interactions in *Arabidopsis thaliana*. Frontiers in Genetics **3**(317): –.

Somssich, I. E. und Hahlbrock, K. (1998). Pathogen defence in plants - a paradigm of biological complexity. Trends in Plant Science **3**(3): 86 – 90.

Sønderby, I. E., Geu-Flores, F. und Halkier, B. A. (2010). Biosynthesis of glucosinolates - gene discovery and beyond. Trends in Plant Science **15**(5): 283 – 290.

Song, C., Ye, M., Han, G., Jiang, X., Wang, F., Yu, Z., Chen, R. und Zou, H. (2010). Reversed-phase-reversed-phase liquid chromatography approach with high orthogonality for multidimensional separation of phosphopeptides. Analytical Chemistry **82**(1): 53–56.

Stegmann, M., Anderson, R. G., Ichimura, K., Pecenkova, T., Reuter, P., Žárský, V., McDowell, J. M., Shirasu, K. und Trujillo, M. (2012). The ubiquitin ligase PUB22 targets a subunit of the exocyst complex required for PAMP-triggered responses in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **24**(11): 4703–4716.

Stensballe, A., Andersen, S. und Jensen, O. (2001). Characterization of phosphoproteins from electrophoretic gels by nanoscale Fe(III) affinity chromatography with off-line mass spectrometry analysis. Proteomics **1**(2): 207–222.

Stotz, H. U., Sawada, Y., Shimada, Y., Hirai, M. Y., Sasaki, E., Krischke, M., Brown, P. D., Saito, K. und Kamiya, Y. (2011). Role of camalexin, indole glucosinolates, and side chain modification of glucosinolate-derived isothiocyanates in defense of *Arabidopsis* against *Sclerotinia sclerotiorum*. The Plant Journal **67**(1): 81–93.

Su, T., Xu, J., Li, Y., Lei, L., Zhao, L., Yang, H., Feng, J., Liu, G. und Ren, D. (2011). Glutathione-indole-3-acetonitrile is required for camalexin biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. The Plant Cell Online **23**(1): 364–380.

Sun, H. H., Fukao, Y., Ishida, S., Yamamoto, H., Maekawa, S., Fujiwara, M., Sato, T. und Yamaguchi, J. (2013a). Proteomics analysis reveals a highly heterogeneous proteasome composition and the post-translational regulation of peptidase activity under pathogen signaling in plants. Journal of Proteome Research **12**(11): 5084–5095.

Sun, Y., Li, L., Macho, A. P., Han, Z., Hu, Z., Zipfel, C., Zhou, J.-M. und Chai, J. (2013b). Structural basis for flg22-induced activation of the *Arabidopsis* FLS2-BAK1 immune complex. Science **342**(6158): 624–628.

Taguchi, F., Yamamoto, M., Ohnishi-Kameyama, M., Iwaki, M., Yoshida, M., Ishii, T., Konishi, T. und Ichinose, Y. (2010). Defects in flagellin glycosylation affect the virulence of *Pseudomonas syringae* pv. tabaci 6605. Microbiology **156**(1): 72–80.

TAIR (2013a). The Arabidopsis Information Resource. www.arabidopsis.org.

TAIR (2013b). The Arabidopsis Information Resource. http://arabidopsis.org/tools/bulk/go/index.jsp, on www.arabidopsis.org.

Tanaka, R., Kobayashi, K. und Masuda, T. (2011). Tetrapyrrole metabolism in *Arabidopsis thaliana*. The *Arabidopsis* Book **9**: doi 10.1199/tab.0145.

Tavernier, E., Wendehenne, D., Blein, J. P. und Pugin, A. (1995). Involvement of free calcium in action of cryptogein, a proteinaceous elicitor of hypersensitive reaction in tobacco cells. Plant Physiology **109**(3): 1025–1031.

Tena, G., Asai, T., Chiu, W.-L. und Sheen, J. (2001). Plant mitogen-activated protein kinase signaling cascades. Current Opinion in Plant Biology **4**(5): 392 – 400.

Tena, G., Boudsocq, M. und Sheen, J. (2011). Protein kinase signaling networks in plant innate immunity. Current Opinion in Plant Biology **14**(5): 519 – 529.

TheArabidopsisGenomeInitiative (2000). Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. Nature **408**: 796–815.

Thelen, J. J. und Miernyk, J. A. (2012). The proteomic future: where mass spectrometry should be taking us. Biochemical Journal **444**(2): 169–181.

Thingholm, T. E., Jensen, O. N. und Larsen, M. R. (2009). Enrichment and separation of mono- and multiply phosphorylated peptides using sequential elution from IMAC prior to mass spectrometric analysis. Methods in Molecular Biology **527**: 67–78.

Thomma, B. P., Nürnberger, T. und Joosten, M. H. (2011). Of PAMPs and effectors: The blurred PTI-ETI dichotomy. The Plant Cell Online **23**(1): 4–15.

Tierens, K. F.-J., Thomma, B. P., Brouwer, M., Schmidt, J., Kistner, K., Porzel, A., Mauch-Mani, B., Cammue, B. P. und Broekaert, W. F. (2001). Study of the role of antimicrobial glucosinolate-derived isothiocyanates in resistance of *Arabidopsis* to microbial pathogens. Plant Physiology **125**(4): 1688–1699.

Torres, M. A., Dangl, J. L. und Jones, J. D. G. (2002). *Arabidopsis* gp91phox homologues AtrbohD and AtrbohF are required for accumulation of reactive oxygen intermediates in the plant defense response. Proceedings of the National Academy of Sciences **99**(1): 517–522.

Torres, M. A., Jones, J. D. und Dangl, J. L. (2006). Reactive Oxygen Species Signaling in Response to Pathogens. Plant Physiology **141**(2): 373–378.

Tsuda, K. und Katagiri, F. (2010). Comparing signaling mechanisms engaged in pattern-triggered and effector-triggered immunity. Current Opinion in Plant Biology **13**(4): 459 – 465.

Underwood, W. und Somerville, S. C. (2013). Perception of conserved pathogen elicitors at the plasma membrane leads to relocalization of the *Arabidopsis* PEN3 transporter. Proceedings of the National Academy of Sciences **110**(30): 12492–12497.

Vandenbogaert, M., Hourdel, V., Jardin-Mathé, O., Bigeard, J., Bonhomme, L., Legros, V., Hirt, H., Schwikowski, B. und Pflieger, D. (2012). Automated phosphopeptide identification using multiple MS/MS fragmentation modes. Journal of Proteome Research **11**(12): 5695–5703.

Vitor, S., Duarte, G., Saviani, E., Vincentz, M., Oliveira, H. und Salgado, I. (2013). Nitrate reductase is required for the transcriptional modulation and bactericidal activity of nitric oxide during the defense response of *Arabidopsis thaliana* against *Pseudomonas syringae*. Planta **238**(3): 475–486.

Vlad, F., Droillard, M.-J., Valot, B., Khafif, M., Rodrigues, A., Brault, M., Zivy, M., Rodriguez, P. L., Merlot, S. und Laurière, C. (2010). Phospho-site mapping, genetic and in planta activation studies reveal key aspects of the different phosphorylation mechanisms involved in activation of SnRK2s. The Plant Journal **63**(5): 778–790.

Vlot, A. C., Dempsey, D. A. und Klessig, D. F. (2009). Salicylic acid, a multifaceted hormone to combat disease. Annual Review of Phytopathology **47**(1): 177–206.

Vorwerk, S., Somerville, S. und Somerville, C. (2004). The role of plant cell wall polysaccharide composition in disease resistance. Trends in Plant Science **9**(4): 203–209.

Wagner, U., Edwards, R., Dixon, D. und Mauch, F. (2002). Probing the diversity of the *Arabidopsis* glutathione-S-transferase gene family. Plant Molecular Biology **49**(5): 515–532.

Wang, A., Garcia, D., Zhang, H., Feng, K., Chaudhury, A., Berger, F., Peacock, W. J., Dennis, E. S. und Luo, M. (2010a). The VQ motif protein IKU1 regulates endosperm growth and seed size in *Arabidopsis*. The Plant Journal **63**(4): 670–679.

Wang, D., Guo, Y., Wu, C., Yang, G., Li, Y. und Zheng, C. (2008a). Genome-wide analysis of CCCH zinc finger family in *Arabidopsis* and rice. BMC Genomics **9**(1): 44.

Wang, D., Harper, J. F. und Gribskov, M. (2003). Systematic trans-genomic comparison of protein kinases between *Arabidopsis* and *Saccharomyces cerevisiae*. Plant Physiology **132**(4): 2152–2165.

Wang, G.-L., Ruan, D.-L., Song, W.-Y., Sideris, S., Chen, L., Pi, L.-Y., Zhang, S., Zhang, Z., Fauquet, C., Gaut, B. S., Whalen, M. C. und Ronald, P. C. (1998). Xa21D encodes a receptor-like molecule with a leucine-rich repeat domain that determines race-specific recognition and is subject to adaptive evolution. The Plant Cell Online **10**(5): 765–779.

Wang, H., Chevalier, D., Larue, C., Ki Cho, S. und Walker, J. C. (2007). The protein phosphatases and protein kinases of *Arabidopsis thaliana*. The *Arabidopsis* Book **5**: doi 10.1199/tab.0106.

Wang, H.-C., Wu, J.-S., Chia, J.-C., Yang, C.-C., Wu, Y.-J. und Juang, R.-H. (2009). Phytochelatin synthase is regulated by protein phosphorylation at a threonine residue near its catalytic site. Journal of Agricultural and Food Chemistry **57**(16): 7348–7355.

Wang, M.-Y., Liu, X.-T., Chen, Y., Xu, X.-J., Yu, B., Zhang, S.-Q., Li, Q. und He, Z.-H. (2012). *Arabidopsis* acetyl-amido synthetase GH3.5 involvement in camalexin biosynthesis through conjugation of indole-3-carboxylic acid and cysteine and upregulation of camalexin biosynthesis genes. Journal of Integrative Plant Biology **54**(7): 471–485.

Wang, P., Du, Y., Li, Y., Ren, D. und Song, C.-P. (2010b). Hydrogen peroxide-mediated activation of MAP kinase 6 modulates nitric oxide biosynthesis and signal transduction in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **22**(9): 2981–2998.

Wang, X., Bian, Y., Cheng, K., Gu, L.-F., Ye, M., Zou, H., Sun, S. S.-M. und He, J.-X. (2013). A large-scale protein phosphorylation analysis reveals novel phosphorylation motifs and phosphoregulatory networks in *Arabidopsis*. Journal of Proteomics **78**(0): 486–498.

Wang, X., Kota, U., He, K., Blackburn, K., Li, J., Goshe, M. B., Huber, S. C. und Clouse, S. D. (2008b). Sequential transphosphorylation of the BRI1/BAK1 receptor kinase complex impacts early events in brassinosteroid signaling. Developmental Cell **15**(2): 220–235.

Widjaja, I., Naumann, K., Roth, U., Wolf, N., Mackey, D., Dangl, J. L., Scheel, D. und Lee, J. (2009). Combining subproteome enrichment and Rubisco depletion enables identification of low abundance proteins differentially regulated during plant defense. Proteomics **9**(1): 138–147.

Widmann, C., Gibson, S., Jarpe, M. B. und Johnson, G. L. (1999). Mitogen-activated protein kinase: conservation of a three-kinase module from yeast to human. Physiological Reviews **79**(1): 143–180.

Willmann, R., Lajunen, H. M., Erbs, G., Newman, M.-A., Kolb, D., Tsuda, K., Katagiri, F., Fliegmann, J., Bono, J.-J., Cullimore, J. V., Jehle, A. K., Götz, F., Kulik, A., Molinaro, A., Lipka, V., Gust, A. A. und Nürnberger, T. (2011). *Arabidopsis* lysin-motif proteins LYM1 LYM3 CERK1 mediate bacterial peptidoglycan sensing and immunity to bacterial infection. Proceedings of the National Academy of Sciences **108**(49): 19824–19829.

Wittstock, U. und Halkier, B. A. (2002). Glucosinolate research in the *Arabidopsis* era. Trends in Plant Science **7**(6): 263 – 270.

Wolschin, F., Wienkoop, S. und Weckwerth, W. (2005). Enrichment of phosphorylated proteins and peptides from complex mixtures using metal oxide/hydroxide affinity chromatography (MOAC). Proteomics **5**(17): 4389–4397.

Xi, J., Wang, X., Li, S., Zhou, X., Yue, L., Fan, J. und Hao, D. (2006). Polyethylene glycol fractionation improved detection of low-abundant proteins by two-dimensional electrophoresis analysis of plant proteome. Phytochemistry **67**(21): 2341 – 2348.

Xin, X.-F., Nomura, K., Underwood, W. und He, S. Y. (2013). Induction and suppression of PEN3 focal accumulation during *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 infection of *Arabidopsis*. Molecular Plant Microbe Interaction **26**(8): 861–867.

Xu, J. und Chua, N.-H. (2012). Dehydration stress activates *Arabidopsis* MPK6 to signal DCP1 phosphorylation. EMBO J **31**(8): 1975–1984.

Yao, Q., Bollinger, C., Gao, J., Xu, D. und Thelen, J. J. (2012). P3DB: An integrated database for plant protein phosphorylation. Frontiers in Plant Science **3**(206): 1–8.

Yoshioka, K. (2004). Scaffold proteins in mammalian MAP kinase cascades. Journal of Biochemistry **135**(6): 657–661.

Zeng, W. und He, S. Y. (2010). A prominent role of the flagellin receptor FLAGELLIN-SENSING2 in mediating stomatal response to *Pseudomonas syringae* pv *tomato* DC3000 in *Arabidopsis*. Plant Physiology **153**(3): 1188–1198.

Zhang, Z., Ober, J. A. und Kliebenstein, D. J. (2006). The gene controlling the quantitative trait locus EPITHIOSPECIFIER MODIFIER1 alters glucosinolate hydrolysis and insect resistance in *Arabidopsis*. The Plant Cell Online **18**(6): 1524–1536.

Zhao, J. und Last, R. L. (1996). Coordinate regulation of the tryptophan biosynthetic pathway and indolic phytoalexin accumulation in *Arabidopsis*. Plant Cell **8**(12): 2235–2244.

Zhu, K., Zhao, J., Lubman, D. M., Miller, F. R. und Barder, T. J. (2005). Protein pI shifts due to posttranslational modifications in the separation and characterization of proteins. Analytical Chemistry **77**(9): 2745–2755.

Zipfel, C., Kunze, G., Chinchilla, D., Caniard, A., Jones, J. D., Boller, T. und Felix, G. (2006). Perception of the bacterial PAMP EF-Tu by the receptor EFR restricts *Agrobacterium*-mediated transformation. Cell **125**(4): 749–760.

Zipfel, C., Robatzek, S., Navarro, L., Oakeley, E. J., Jones, J. D. G., Felix, G. und Boller, T. (2004). Bacterial disease resistance in *Arabidopsis* through flagellin perception. Nature **428**(6984): 764–767.

A Anhang - Abbildungen

zu Kapitel 3.1 - Entwicklung einer geeigneten Strategie zur Anreicherung von Phosphoproteinen

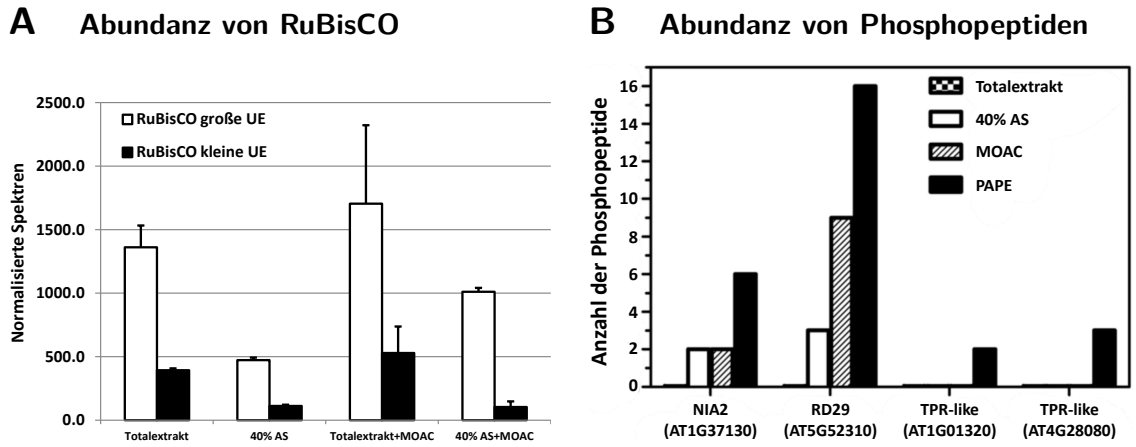


Abbildung A.1: Abundanzen verschiedener Proteine in den Fraktionen. Die verschiedenen Methoden führten zu einer Veränderung der Proteinzusammensetzung. **A.** Sowohl die kleine als auch große Untereinheit von RuBisCO konnte als störender Faktor durch Fällung mittels Ammoniumsulfat reduziert werden. Die angegebenen Werte sind der aus den normalisierten Spektren berechnete *quantitative value* aus SCAFFOLD. **B.** Detektierte Phosphopeptide bekannter Phosphoproteine waren in PAPE am höchsten. Die Anzahl der Phosphopeptide je Fraktion und Protein wurde Tab. B.2 entnommen.

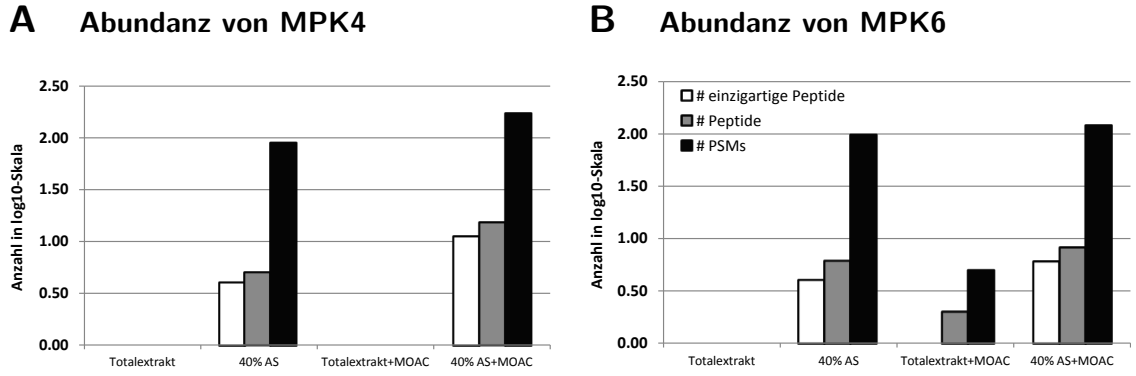


Abbildung A.2: Niedrig-abundante Proteine wie MPK4/6 in den verschiedenen Fraktionen. A. Abundanz des Proteins MPK4 in den Fraktionen wurde bestimmt mittels der Anzahl einzigartiger Peptide, Anzahl aller Peptide und Anzahl der PSMs der einzelnen Fraktionen. **B.** Analog dazu die Darstellung der Abundanz des Proteins MPK6. Die y-Achse ist in beiden Graphen in $\log_{10}$-Skala. Leider konnten für beide keine Phosphopeptide mit Sicherheit nachgewiesen werden. Für MPK4 wurde in der PAPE-Fraktion ein Phosphopeptid (KYVPPLRPIGRGAYGIVCAATNSETGEEVAIK) mit schlechtem *q-value* (0,674995) und niedrigem *pRS score* (5) gefunden.

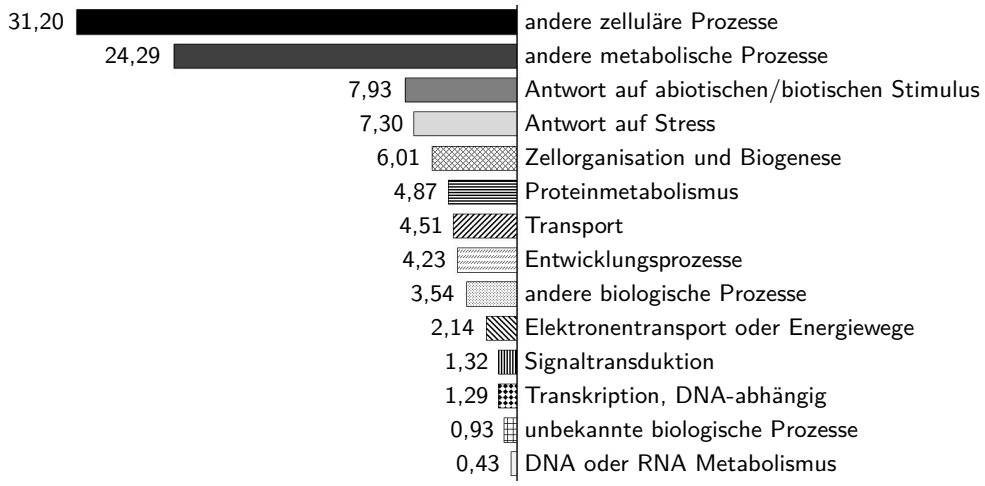


Abbildung A.3: Funktionelle Charakterisierung der Proteine aus der PAPE-Fraktion. Für die Erstellung wurde TAIR GO (TAIR, 2013b) verwendet.

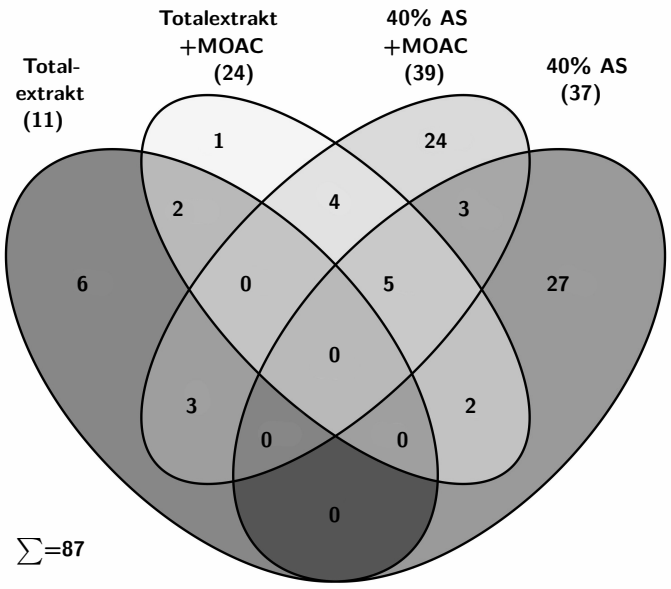


Abbildung A.4: Proteine mit identifizierter Phosphorylierung in den Fraktionen. Für jedes Protein lagen eine oder mehrere Phosphorylierungen mit einem *q-value*<0,05 und einem *pRS score*>30 vor (Tab. B.2).

zu Kapitel 3.2 - Phosphorylierung von MAPKs durch ein induzierbares System

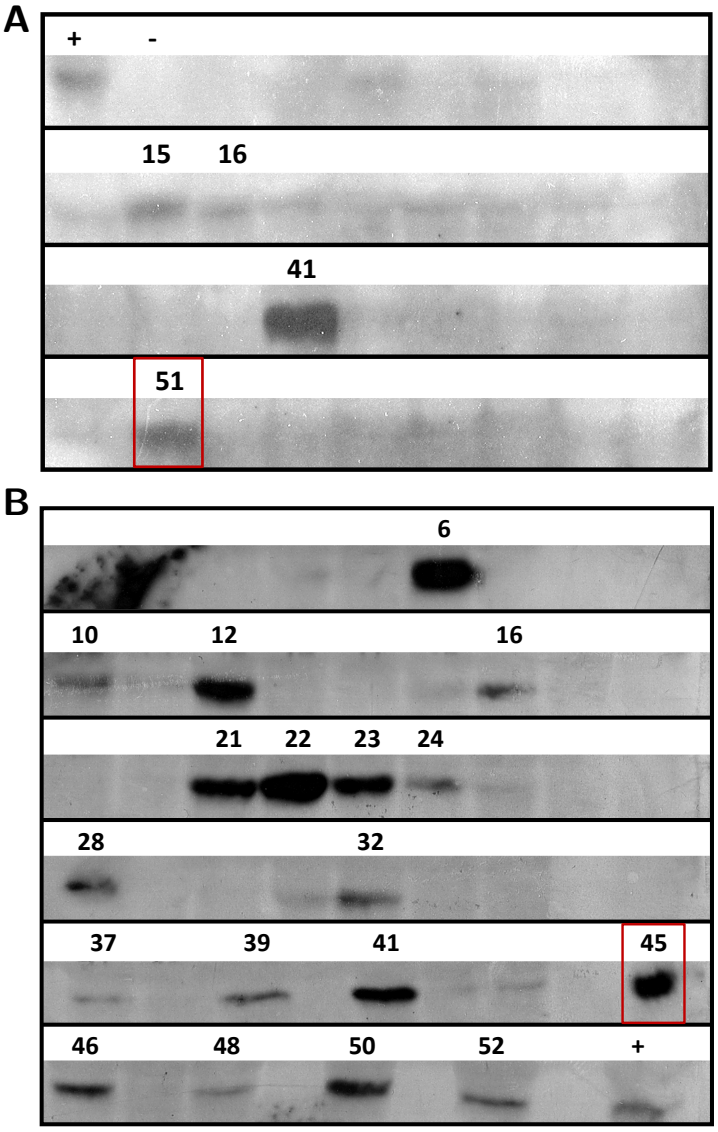


Abbildung A.5: Selektion der F1-/F2-Generation per Immunoblot. A. F1-Generation der Col-0 KR Linie. **B.** F2-Generation einer in der F1-Generation positiven Col-0 KR-Pflanze (Col-0 KR51). Nicht nummerierte Proben sind Negative. Der rote Rahmen markiert die in dieser Arbeit weiter verwendete Linie (Col-0 KR51 F2 45).

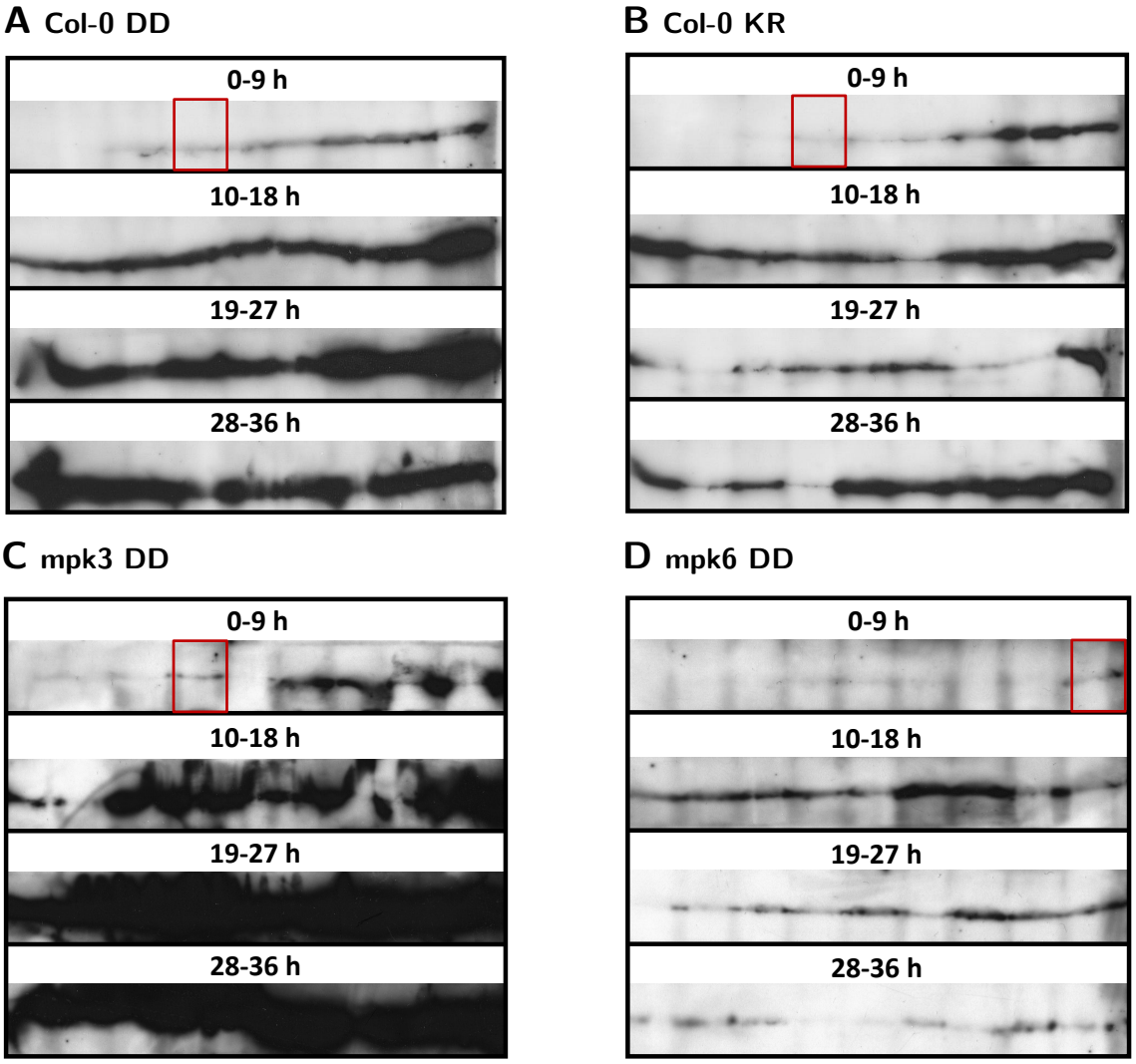


Abbildung A.6: Zeitverlauf der MKK5-Induktion im Vergleich. A. Gezeigt wird der zeitliche Verlauf von 0-36 Stunden nach DEX-Besprühung in Col-0 DD55 F2 4. **B.** Analog ist der Verlauf in Col-0 KR51 F2 45 dargestellt. **C.** Analog ist der Verlauf in mpk3 DD1 F2 52 dargestellt. **D.** Analog ist der Verlauf in mpk6 DD7 F2 15 dargestellt.

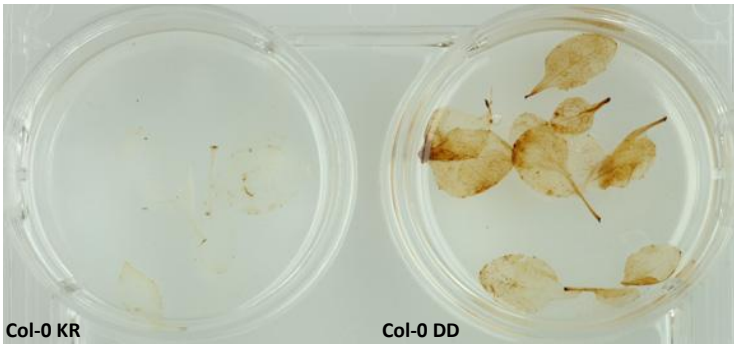
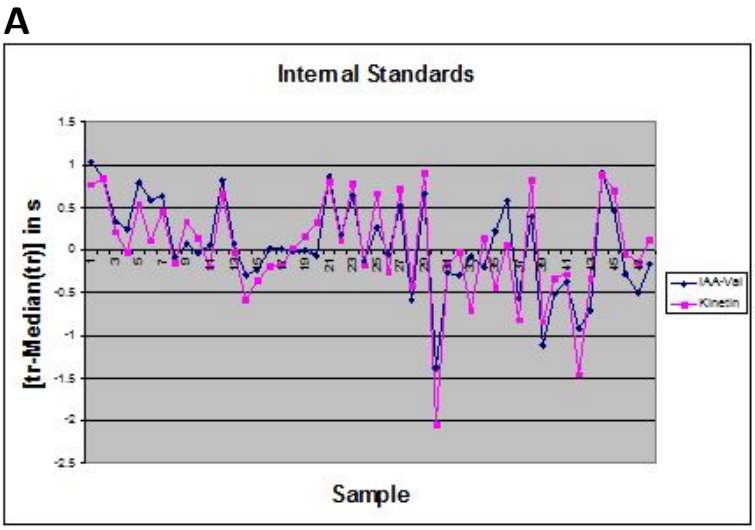


Abbildung A.7: ROS-Produktion in Col-0 DD im Vergleich zu Col-0 KR. DAB-gefärbte Blätter von Col-0 DD zeigten nach Aktivierung von MPK3/6 ROS-Bildung. (Jason J. Rudd, unveröffentlicht)



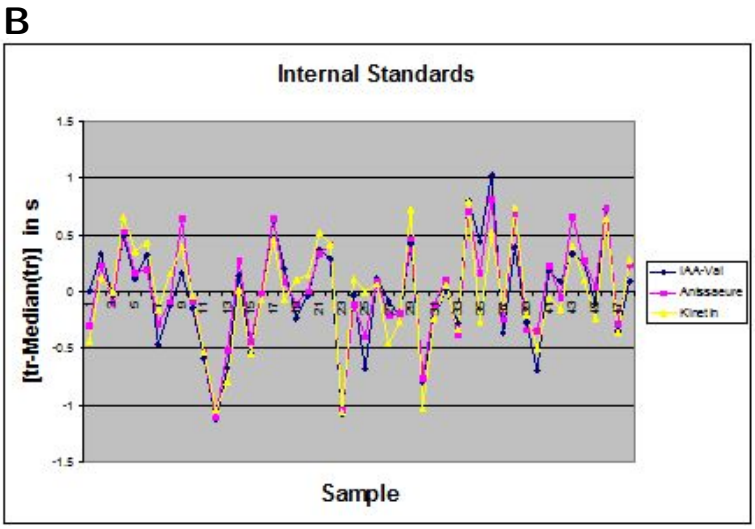
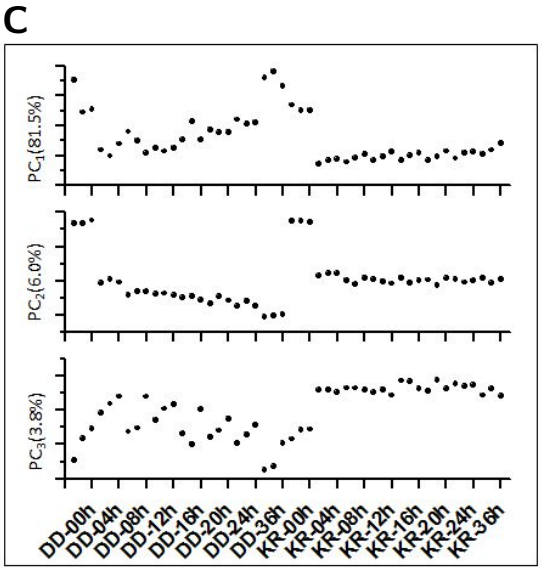
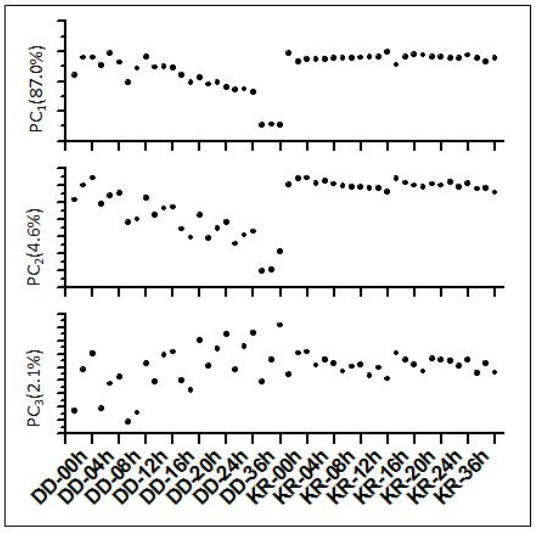


Abbildung A.8: Technische Qualität der Metabolit-Messungen. A. Retentionszeit-Verschiebung der internen Standards im negativen Modus. $\Delta t_r = \pm 1{,}0$ s (n=48). **B.** Retentionszeit-Verschiebung der internen Standards im positiven Modus. $\Delta\ t_r = \pm 1{,}5$ s (n=48). **C.** Log_2-transformierte Intensität der 23135 molekularen Features im positiven Modus in den 48 Proben. 91,3% waren erklärbare Varianz. **D.** Log_2-transformierte Intensität der 20658 molekularen Features im negativen Modus in den 48 Proben. 93,7% waren erklärbare Varianz..





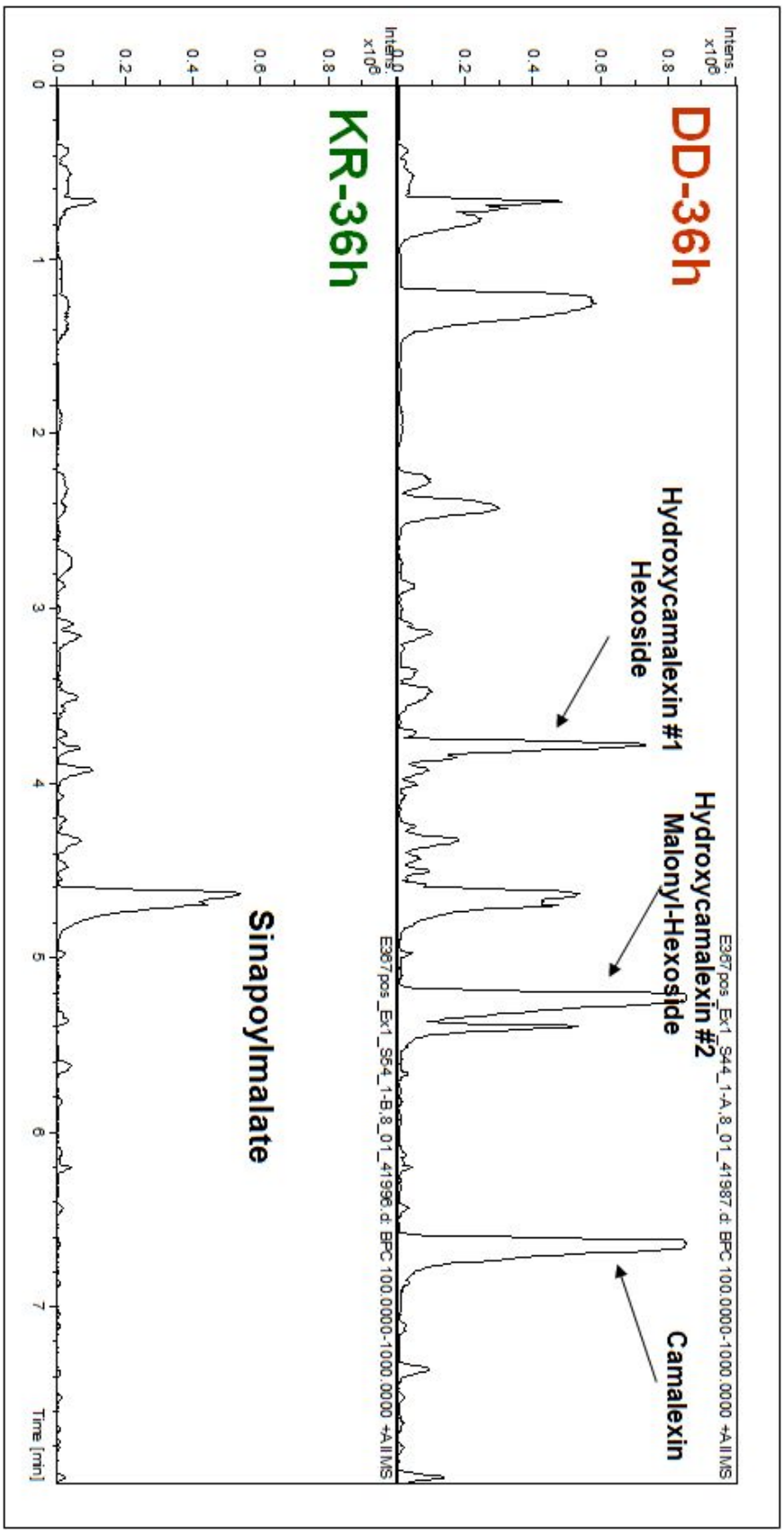
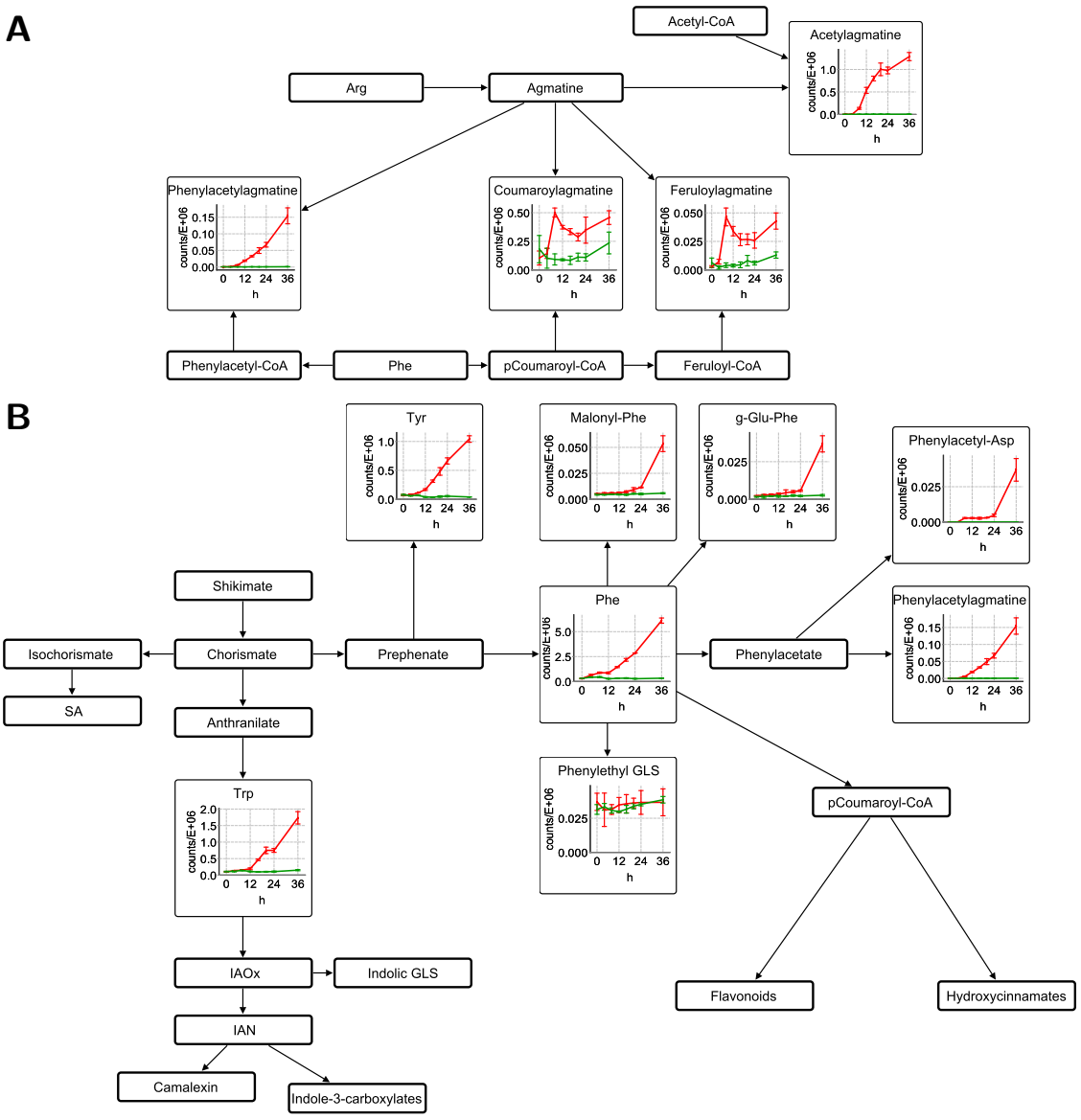
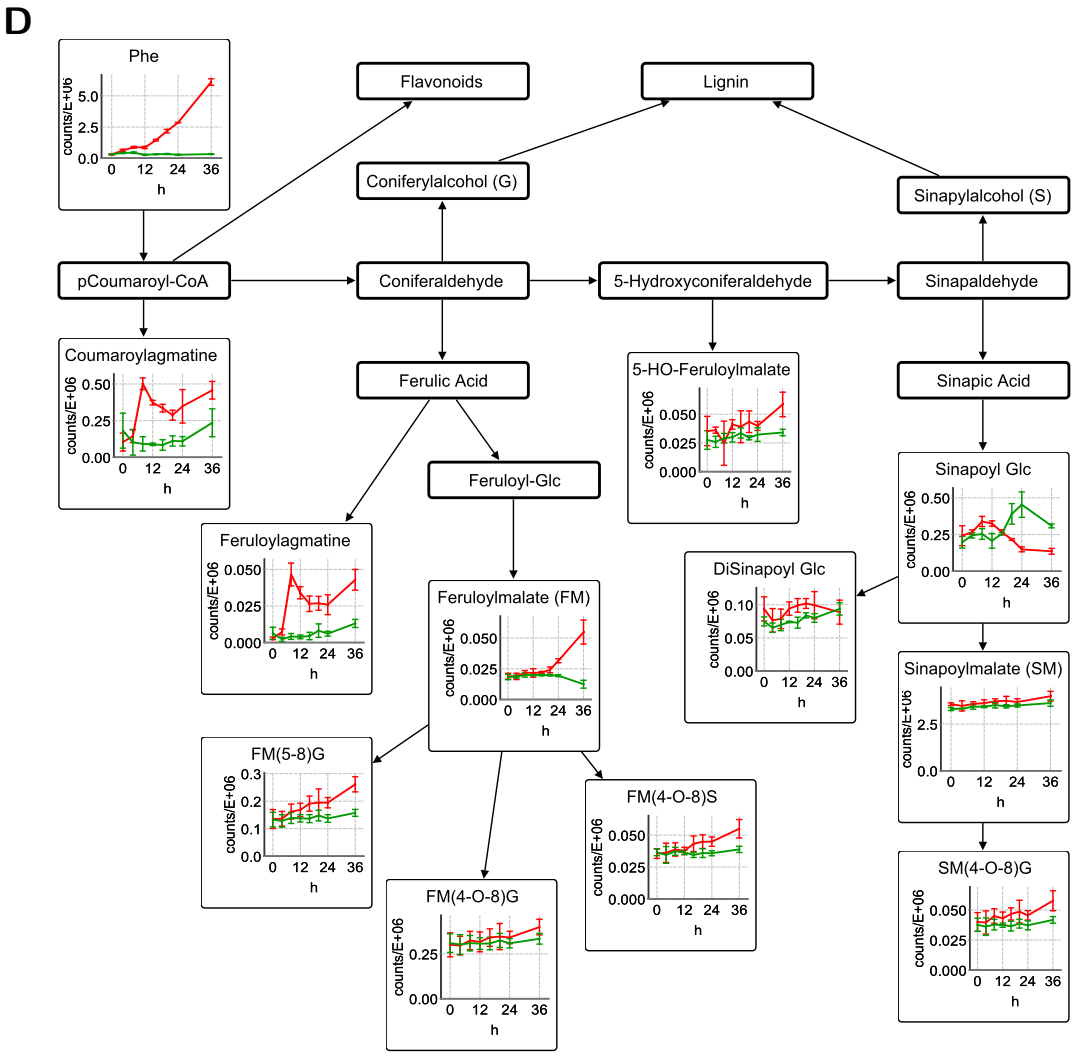
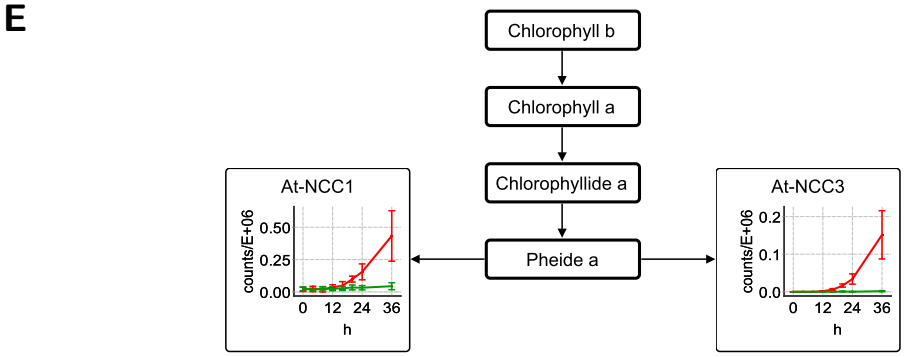


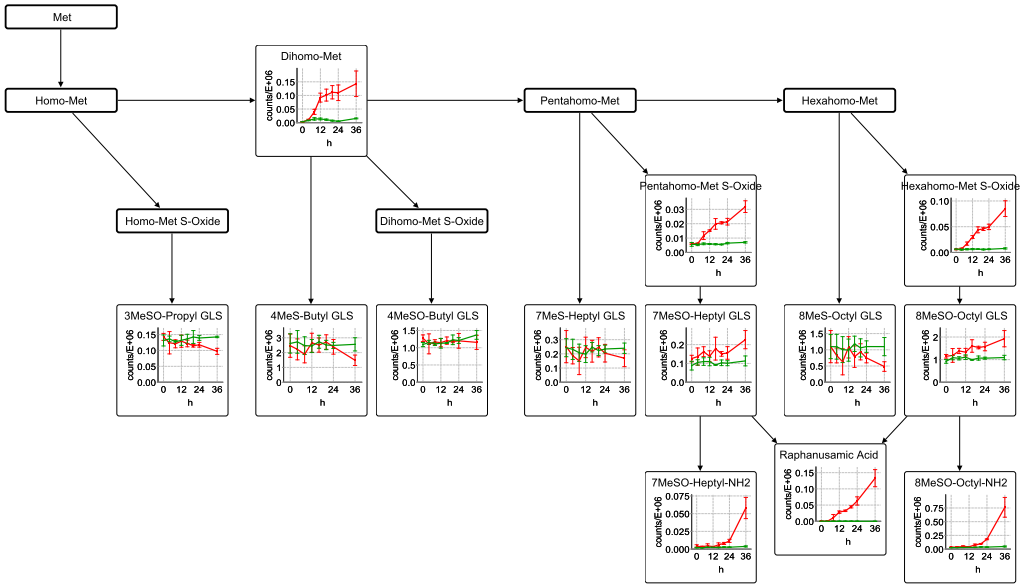
Abbildung A.9: Chromatogramm von Metaboliten aus dem Camalexin-Metabolismus. Aufgetragen sind die Intensität der Metabolite gegen deren Retentionszeit. Eindeutig waren Camalexin und dessen Hexoside ausschließlich in den aktivierten Proben nachweisbar. Ebenfalls waren weitere Peaks in der Kontrolle nicht sichtbar.


A
Acetyl-CoA
Acetylagmatine
Arg
Agmatine
Phenylacetylagmatine
Coumaroylagmatine
Feruloylagmatine
Phenylacetyl-CoA
Phe
pCoumaroyl-CoA
Feruloyl-CoA
B
Tyr
Malonyl-Phe
g-Glu-Phe
Phenylacetyl-Asp
Shikimate
Isochorismate
Chorismate
Prephenate
Phe
Phenylacetate
Phenylacetylagmatine
SA
Anthranilate
Phenylethyl GLS
Trp
pCoumaroyl-CoA
IAOx
Indolic GLS
Flavonoids
Hydroxycinnamates
IAN
Camalexin
Indole-3-carboxylates
C
K 3-Rha-7-Rha
K 3-Rha-Glc-7-Rha
Q 3-Deoxyhex-Hex-7-Deoxyhex
Hydroxycinnamates
Phe
pCoumaroyl-CoA
Kaempferol (K)
Quercetin (Q)
Coumarins
Lignols
K 3-Glc-7-Rha
K 3-Glc-Glc-7-Rha
Q 3-Hex-7-Deoxyhex
counts/E+06
h


D
Phe
Flavonoids
Lignin
Coniferylalcohol (G)
Sinapylalcohol (S)
pCoumaroyl-CoA
Coniferaldehyde
5-Hydroxyconiferaldehyde
Sinapaldehyde
Coumaroylagmatine
Ferulic Acid
5-HO-Feruloylmalate
Sinapic Acid
Feruloyl-Glc
Sinapoyl Glc
Feruloylagmatine
DiSinapoyl Glc
Feruloylmalate (FM)
Sinapoylmalate (SM)
FM(5-8)G
FM(4-O-8)S
SM(4-O-8)G
FM(4-O-8)G
counts/E+06
h


E
Chlorophyll b
Chlorophyll a
Chlorophyllide a
Pheide a
At-NCC1
At-NCC3
counts/E+06
h

F



G

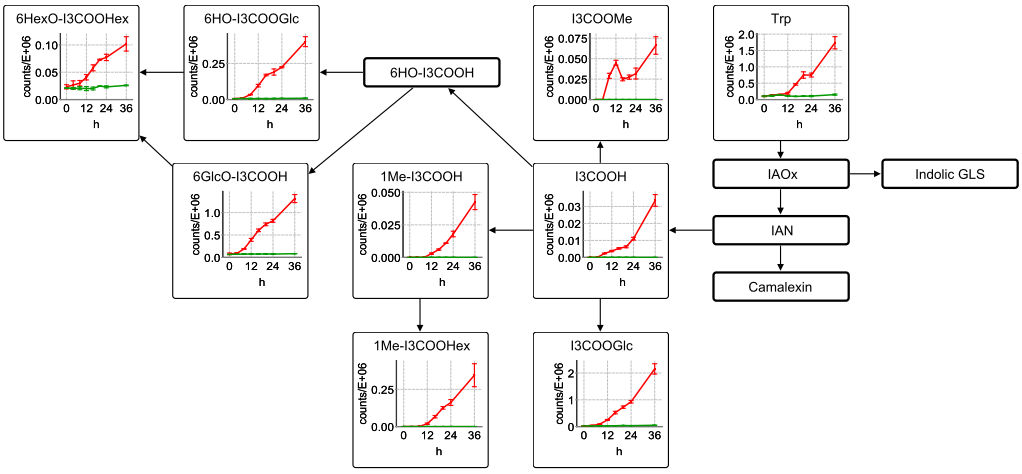


Abbildung A.10: Weitere Metabolit-Änderungen nach MPK3/6-Phosphorylierung. A. Agmatin Metabolismus. **B.** Metabolismus aromatischer Aminosäuren. **C.** Flavonoid Metabolismus. **D.** Metabolismus der Hydroxy-Zimtsäure. **E.** Chlorophyll Katabolismus. **F.** Met-abgeleitete Glucosinolate. **G.** Biosynthese von Indol-3-carboxylaten. IAOx, Indol-3-acetaldoxim; IAN, Indol-3-acetonitril; GLS, Glucosinolat; Rha, Rhamnose; HEX, Hexose; Glc, Glucose. Weitere Abkürzungen befinden sich in Tabelle B.11.

B Anhang - Tabellen

zu Kapitel 3.1 - Entwicklung einer geeigneten Strategie zur Anreicherung von Phosphoproteinen

Tabelle B.1: Summe der identifizierten Proteine. Die Tabelle ist als 01_Summe der identifizierten Proteine.xls auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.2: Summe der Phosphopeptide. Die vier Untertabellen repräsentieren die vier Fraktionen. Die Tabelle ist als 02_Summe der Phosphopeptide.xls auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.3: Phosphopeptide im Kontext ihres Proteins. Die vier Untertabellen repräsentieren die vier Fraktionen. Die Tabelle ist als 03_Proteine mit zugehörigen Phosphopetiden.xls auf der CD hinterlegt.

zu Kapitel 3.2 - Phosphorylierung von MAPKs durch ein induzierbares System

Tabelle B.4: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in Col-0 KR. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 04_Col-0 KR Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.5: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in Col-0 DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 05_Col-0 DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.6: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *mpk3* DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 06_mpk3 DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.7: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *mpk6* DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 07_mpk6 DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.8: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *ein2* DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 08_ein2 DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.9: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *ein3/eil1* DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 09_ein3eil1 DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.10: Veränderung der Proteinzusammensetzung nach DEX-Behandlung in *rbohD* DD. Blattproben von DEX-behandelten Pflanzen wurden 0 bis 24 Stunden nach Besprühen geerntet. Die Proteinextrakte wurden per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 10_rbohD DD Zeitverlauf 0-24h.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.11: Analytische Daten annotierter Metabolite. [a] Annotationslevel nach Sumner et al. Metabolomics 2007, 3, 211: 1, identifizierte Substanz; 2, putativ identifizierte Substanz; 3, putativ charakterisierte Substanzklasse; 4, unbekannte Substanz. [b] Literatur: [1] Bednarek et al. Plant Physiol. 2005, 138, 1058; [2] Bednarek et al. Science 2009, 323, 101; [3] Petersen et al. Planta 214, 562; [4] Brown et al. Phytochemistry 2003, 62, 471; [5] Geu-Flores et al. Plant Cell 2011, 23, 2456; [6] Su et al. Plant Cell 2011, 23, 364; [7] Böttcher et al. Plant Cell 2009, 21, 1830; [8] Schuhegger et al. Plant Physiol. 2006, 141, 1248; [9] Hagemeier et al. PNAS 2001, 98, 753; [10] Böttcher er al. Plant Phys. 2014, 165, 841; [11] prepared by acidic hydrolysis of 7-methylsulfinylheptyl isothiocyanate/8-methylsulfinyloctyl isothiocyanate; [12] Muroi et al. Planta 2009, 230, 517; [13] Zhang et al. PNAS 2013, 110, 14807;[14] Bartsch et al. J. Biol.Chem. 2010, 285, 25654; [15] Floerl et al. PloS One 2012, 7, e31435; [16] Göbel et al. Phytochemistry, 2009, 70, 1485 and references cited therein; [17] Rhode et al. Plant Cell 2004, 16, 2749; [18] isolated from Brassica napus seeds, Baumert et al., Phytochemistry 2005, 66, 1334; [19] Fraser et al. Plant Physiol. 2007, 144, 1986; [20] Yonekura-Sakakibara et al. Plant Cell 2008, 20, 2160; [21] Veit et al. J. Nat. Prod. 1999, 62, 1301; [22] Pružinská et al. Plant Physiol. 2005, 139, 52. [c]Absolute Massenabweichung in ppm. [d]Anpassungsgüte zwischen gemessenen und kalkulierten Isotopmustern (Bruker Daltonics, DataAnalysis 4.0); interf. = mSigma konnte auf Grund der Anwesenheit von störenden Ionenspezies nicht bestimmt werden. [e] UNK = unbekannte Substanz oder nur putativ charakterisiert (siehe Annotationslevel a in Spalte 2). Siehe nächste Seite.

no.	annotation	al[a]	standard used for authentication (source)	lit.[b]	elemental composition	ret. time [s]	quasi-molecular ion				
							type	calculated *m/z*	measured *m/z*	$\|\Delta m/z\|$ *ppm*[c]	mSigma[d]
1	Phe	1	Sigma-Aldrich	-	$C_9H_{11}NO_2$	75	$[M+H]^+$	166.0863	166.0859	2.4	13
2	*N*-Malonyl-Phe	2	-	-	$C_{12}H_{13}NO_5$	246	$[M+H]^+$	252.0866	252.0854	4.8	32
3	γ-Glu-Phe	2	-	-	$C_{14}H_{18}N_2O_5$	179	$[M+H]^+$	295.1288	295.1277	3.7	15
4	Tyr	1	Sigma-Aldrich	-	$C_9H_{11}NO_3$	42	$[M+H]^+$	182.0812	182.0812	0.0	5.0
5	Trp	1	Sigma-Aldrich	-	$C_{11}H_{12}N_2O_2$	145	$[M+H]^+$	205.0972	205.0961	5.4	5.0
6	Leu/Ile	2	Sigma-Aldrich	-	$C_6H_{13}NO_2$	46	$[M+H]^+$	132.1019	132.1014	3.8	9.1
7	Glutathione (GS-H)	1	Sigma-Aldrich	-	$C_{10}H_{17}N_3O_6S$	40	$[M+H]^+$	308.0911	308.0891	6.5	33
8	Raphanusamic Acid	1	Sigma-Aldrich	[1,2]	$C_4H_5NO_2S_2$	76	$[M-H]^-$	161.9689	161.9679	6.2	12
9	Dihomo-Met	2	-	-	$C_7H_{15}NO_2S$	80	$[M+H]^+$	178.0896	178.0894	1.1	14
10	Hexahomo-Met *S*-Oxide	2	-	-	$C_{11}H_{23}NO_3S$	164	$[M+H]^+$	250.1471	250.1453	7.2	8.7
11	Pentahomo-Met *S*-Oxide	2	-	-	$C_{10}H_{21}NO_3S$	88	$[M+H]^+$	236.1315	236.1307	3.4	29
12	Indol-3-ylmethyl glucosinolate (I3M GLS)	2	-	[3,4]	$C_{16}H_{20}N_2O_9S_2$	167	$[M-H]^-$	447.0537	447.0529	1.8	3.4
13	4-Methoxy-indol-3-ylmethyl glucosinolate (4MeO-I3M GLS)	2	-	[3,4]	$C_{17}H_{22}N_2O_{10}S_2$	210	$[M-H]^-$	477.0643	477.0625	3.8	3.4
14	1-Methoxy-indol-3-ylmethyl glucosinolate (1MeO-I3M GLS)	2	-	[3,4]	$C_{17}H_{22}N_2O_{10}S_2$	249	$[M-H]^-$	477.0643	477.0629	2.9	12
15	Phenylethyl glucosinolate	2	-	[3,4]	$C_{15}H_{21}NO_9S_2$	194	$[M-H]^-$	422.0585	422.0574	2.6	9.5
16	3-Methylsulfinylpropyl glucosinolate (3MeSO-Propyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{11}H_{21}NO_{10}S_3$	40	$[M-H]^-$	422.0255	422.0247	1.9	10
17	4-Methylsulfinylbutyl glucosinolate (4MeSO-Butyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{12}H_{23}NO_{10}S_3$	40	$[M-H]^-$	436.0411	436.0432	4.8	3.9
18	5-Methylsulfinylpentyl glucosinolate (5MeSO-Pentyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{13}H_{25}NO_{10}S_3$	45	$[M-H]^-$	450.0568	450.0567	0.2	10
19	7-Methylsulfinylheptyl glucosinolate (7MeSO-Heptyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{15}H_{29}NO_{10}S_3$	146	$[M-H]^-$	478.0881	478.0866	3.1	5.0
20	8-Methylsulfinyloctyl glucosinolate (8MeSO-Octyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{16}H_{31}NO_{10}S_3$	188	$[M-H]^-$	492.1037	492.1026	2.2	2.8
21	4-Methylthiobutyl glucosinolate (4MeS-Butyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{12}H_{23}NO_9S_3$	140	$[M-H]^-$	420.0462	420.0465	0.7	10
22	5-Methylthiopentyl glucosinolate (5MeS-Pentyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{13}H_{25}NO_9S_3$	196	$[M-H]^-$	434.0619	434.0605	3.2	2.6
23	6-Methylthiohexyl glucosinolate (6MeS-Hexyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{14}H_{27}NO_9S_3$	246	$[M-H]^-$	448.0775	448.0760	3.3	15
24	7-Methylthioheptyl glucosinolate (7MeS-Heptyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{15}H_{29}NO_9S_3$	292	$[M-H]^-$	462.0932	462.0938	1.3	4.8
25	8-Methylthiooctyl glucosinolate (8MeS-Octyl GLS)	2	-	[3,4]	$C_{16}H_{31}NO_9S_3$	338	$[M-H]^-$	476.1088	476.1085	0.6	4.7
26	Glutathione-indole-3-acetonitrile conjugate (GS-IAN)	1	synthetic	[5-7]	$C_{20}H_{23}N_5O_6S$	266	$[M+H]^+$	462.1442	462.1412	6.5	4.2
27	Cysteine-indole-3-acetonitrile conjugate (Cys(IAN))	1	synthetic	[7]	$C_{13}H_{13}N_3O_2S$	234/240	$[M+H]^+$	276.0801	276.0790	4.0	12
28	*N*-Malonyl-Cys(IAN)	2	-	[7]	$C_{16}H_{15}N_3O_5S$	329	$[M+Na]^+$	384.0625	384.0605	5.2	12
29	3-Mercaptolactic acid-IAN conjugate (Mla(IAN))	2	-	[7]	$C_{13}H_{12}N_2O_3S$	348	$[M-H]^-$	275.0496	275.0472	8.7	9.7
30	Dihydrocamalexic acid (DHCA)	1	synthetic	[1,7,8]	$C_{12}H_{10}N_2O_2S$	230	$[M+H]^+$	247.0536	247.0531	2.0	5.2
31	DHCA-Gly conjugate	2	-	[7]	$C_{14}H_{13}N_3O_3S$	255	$[M+H]^+$	304.0750	304.0747	1.0	10
32	DHCA-Gln conjugate	2	-	[7]	$C_{17}H_{18}N_4O_4S$	234	$[M+H]^+$	375.1122	375.1115	1.9	14
33	Camalexin	1	synthetic	[7,8]	$C_{11}H_8N_2S$	398	$[M+H]^+$	201.0481	201.0477	2.0	2.3
34	Hydroxycamalexin-#1 (HC-#1)	2	-	-	$C_{11}H_8N_2OS$	277	$[M+H]^+$	217.0430	217.0415	6.9	6.3
35	HC-#1 *O*-Hexoside	2	-	[7]	$C_{17}H_{18}N_2O_6S$	226	$[M+H]^+$	379.0958	379.0948	2.6	5.3
36	HC-#1 *O*-Malonylhexoside	2	-	[7]	$C_{20}H_{20}N_2O_9S$	270	$[M+H]^+$	465.0962	465.0945	3.7	5.3
37	HC-#1 *O*-Malylhexoside	2	-	-	$C_{21}H_{22}N_2O_{10}S$	174	$[M+H]^+$	495.1068	495.1050	3.6	23

38	Hydroxycamalexin-#2 (HC-#2)	2	-	-	$C_{11}H_8N_2OS$	323	$[M+H]^+$	217.0430	217.0423	3.2	6.1
39	HC-#2 *O*-Hexoside	2	-	[7]	$C_{17}H_{18}N_2O_6S$	281	$[M+H]^+$	379.0958	379..0946	3.2	2.0
40	HC-#2 *O*-Malonylhexoside	2	-	[7]	$C_{20}H_{20}N_2O_9S$	313	$[M+H]^+$	465.0962	465.0948	3.0	3.6
41	HC-#2 *O*-Bis(malonyl)hexoside	2	-	-	$C_{23}H_{22}N_2O_{12}S$	340	$[M+H]^+$	551.0966	551.0953	2.4	7.3
42	HC-#2 *O*-Malylhexoside (HC-#2 Malyl-Hex)	2	-	-	$C_{21}H_{22}N_2O_{10}S$	220	$[M+H]^+$	495.1068	495.1068	0.0	27
43	HC-#2 *O*-(Malyl-malonylhexoside)	2	-	-	$C_{24}H_{24}N_2O_{13}S$	256	$[M+H]^+$	581.1072	581.1047	4.3	7.7
44	Indole-3-carboxylic acid (I3COOH)	1	Sigma-Aldrich	[1,9,10]	$C_9H_7NO_2$	284	$[M+H]^+$	162.0550	162.0541	5.6	18
45	Methyl indole-3-carboxylate (I3COOMe)	1	OlChemIm	[7,10]	$C_{10}H_9NO_2$	400	$[M+H]^+$	176.0706	176.0695	6.2	5.2
46	β-Glucosyl indole-3-carboxylate (I3COOGlc)	2	-	[1,7,9,10]	$C_{15}H_{17}NO_7$	225	$[M-H]^-$	322.0932	322.0928	1.2	8.8
47	6-β-Glucosyloxy-indole-3-carboxylic acid (6GlcO-I3COOH)	2	-	[1,7,9,10]	$C_{15}H_{17}NO_8$	100	$[M-H]^-$	338.0881	338.0872	2.7	2.0
48	β-Glucosyl 6-hydroxy-indole-3-carboxylate (6HO-I3COOGlc)	2	-	[1,7,9,10]	$C_{15}H_{17}NO_8$	114	$[M-H]^-$	338.0881	338.0865	4.7	11
49	β-Glucosyl 6-β-Glucosyloxy-indole-3-carboxylate (6GlcO-I3COOGlc)	2	-	[10]	$C_{21}H_{27}NO_{13}$	62	$[M-H]^-$	500.1410	500.1400	2.0	16
50	1-Methyl-indole-3-carboxylic acid (1Me-I3COOH)	1	Sigma-Aldrich	[1]	$C_{10}H_9NO_2$	355	$[M+H]^+$	176.0706	176.0704	1.1	7.5
51	Hexosyl 1-methyl-indole-3-carboxylate (1Me-I3COOHex)	2	-	-	$C_{16}H_{19}NO_7$	274	$[M-H+FA]^-$	382.1144	382.1121	6.0	2.9
52	Indol-3-ylmethyl amine ($I3MNH_2$)	1	Sigma-Aldrich	[2]	$C_9H_{10}N_2$	114	$[M+H-NH_3]^+$	130.0651	130.0638	10.0	17
53	4-Methoxy-indol-3-ylmethyl amine ($4MeO-I3MNH_2$)	1	synthetic	[2]	$C_{10}H_{12}N_2O$	193	$[M+H-NH_3]^+$	160.0757	160.0748	5.6	8.1
54	4-Methoxy-indole-3-carbaldehyde (4MeO-I3CHO)	1	Chem-Impex	[1,10]	$C_{10}H_9NO_2$	334	$[M+H]^+$	176.0706	176.0689	9.7	7.1
55	Dihydroascorbigen *O*-Hexoside (DihydroAsc Hex)	2	-	[10]	$C_{21}H_{27}NO_{11}$	206	$[M-H]^-$	468.1511	468.1496	3.2	4.7
56	7-Methylsulfinyloctyl amine ($7MeSO-Heptyl-NH_2$)	1	synthetic	[11]	$C_8H_{19}NOS$	60	$[M+H]^+$	178.1260	178.1256	2.2	16
57	8-Methylsulfinyloctyl amine ($8MeSO-Octyl-NH_2$)	1	synthetic	[11]	$C_9H_{21}NOS$	136	$[M+H]^+$	192.1417	192.1408	4.7	5.0
58	Acetylagmatine	2	-	-	$C_7H_{16}N_4O$	40	$[M+H]^+$	173.1397	173.1402	2.9	5.5
59	Phenacetylagmatine	2	-	-	$C_{13}H_{20}N_4O$	202	$[M+H]^+$	249.1710	249.1702	3.2	5.5
60	Coumaroylagmatine	2	-	[12]	$C_{14}H_{20}N_4O_2$	172/201	$[M+H]^+$	277.1659	277.1649	3.6	10
61	Feruloylagmatine	2	-	[12]	$C_{15}H_{22}N_4O_3$	190/215	$[M+H]^+$	307.1765	307.1753	3.9	23
62	*N*-Phenacetyl-Asp	2	-	-	$C_{12}H_{13}NO_5$	216	$[M-H]^-$	250.0721	250.0710	4.4	36
63	Salicylic Acid (SA)	1	Sigma-Aldrich	-	$C_7H_6O_3$	298	$[M-H]^-$	137.0244	137.0229	10.9	11
64	1-*O*-Salicoyl-β-glucose (SGE)	2	-	[14]	$C_{13}H_{16}O_8$	216	$[M-H]^-$	299.0772	299.0772	0.0	interf.
65	Salicylic acid 2-*O*-β-glucoside (SAG)	2	-	[14]	$C_{13}H_{16}O_8$	170	$[M-H]^-$	299.0772	299.0758	4.7	4.6
66	2,5-Dihydroxybenzoic acid *O*-Hexoside (2,5-DHBA Hex)	2	-	[14]	$C_{13}H_{16}O_9$	87	$[M-H]^-$	315.0722	315.0700	7.0	20
67	2,5-Dihydroxybenzoic acid *O*-Pentoside (2,5-DHBA Pent)	2	-	[14]	$C_{12}H_{14}O_8$	150	$[M-H]^-$	285.0616	285.0605	3.9	1.7
68	2,3-Dihydroxybenzoic acid 3-*O*-β-Xyloside (2,3-DHBA 3-Xyl)	1	isolated	[13,14]	$C_{12}H_{14}O_8$	176	$[M-H]^-$	285.0616	285.0604	4.2	19
69	9,12,13-Trihydroxy-10,15-octadecadienoic acid	2	-	[15]	$C_{18}H_{32}O_5$	415/420	$[M-H]^-$	327.2177	327.2154	7.0	5.7
70	Oxo-phytodienoic acid (oPDA)	2	-	[16]	$C_{18}H_{28}O_3$	611	$[M-H]^-$	291.1966	291.1957	3.1	2.2
71	Jasmonic acid (JA)	1	Sigma-Aldrich	[16]	$C_{12}H_{18}O_3$	402	$[M-H]^-$	209.1183	209.1178	2.4	36
72	1-*O*-Jasmonyl-β-glucose (JA Glc)	2	-	[16]	$C_{18}H_{28}O_8$	320	$[M-H]^-$	371.1711	371.1671	10.8	interf.
73	Feruloylmalate (FerM)	2	-	-	$C_{14}H_{14}O_8$	275	$[M-H]^-$	309.0616	309.0633	5.5	14
74	Coniferyl alcohol(8-*O*-4)feruloylmalate (G(8-*O*-4)FerM)	2	-	[17]	$C_{24}H_{26}O_{12}$	280/292	$[M-H]^-$	505.1351	505.1338	2.6	13
75	Sinapyl alcohol(8-*O*-4)feruloylmalate (S(8-*O*-4)FerM)	2	-	-	$C_{25}H_{28}O_{13}$	273/278	$[M-H]^-$	535.1457	535.1433	4.5	36
76	Coniferyl alcohol(8-5)feruloylmalate (G(8-5)FerM)	2	-	[17]	$C_{24}H_{24}O_{11}$	349	$[M-H]^-$	487.1246	487.1246	0.0	11
77	5-Hydroxyferuloylmalate (5HO-FerM)	2	-	-	$C_{14}H_{14}O_9$	234	$[M-H]^-$	325.0565	325.0555	3.1	6.0

78	Sinapoyl malate (SinM)	2	-	-	$C_{15}H_{16}O_9$	278	$[M-H]^-$	339.0722	339.0710	3.5	4.4
79	Coniferyl alcohol(8-*O*-4)sinapoylmalate (G(8-*O*-4)SinM)	2	-	-	$C_{25}H_{28}O_{13}$	309/324	$[M-H]^-$	535.1457	535.1454	0.6	16
80	1-*O*-Sinapoyl-β-glucose (SinGlc)	1	isolated	[18]	$C_{17}H_{22}O_{10}$	216	$[M-H]^-$	385.1140	385.1139	0.3	19
81	1,2-Di-*O*-sinapoyl-β-glucose (DiSinGlc)	1	isolated	[18,19]	$C_{28}H_{32}O_{14}$	318	$[M-H]^-$	591.1719	591.1706	2.2	7.1
82	Kaempferol 3,7-di-*O*-α-Rha (K 3-Rha-7-Rha)	2	-	[20]	$C_{27}H_{30}O_{14}$	283	$[M-H]^-$	577.1563	577.1563	0.0	4.7
83	Kaempferol 3-*O*-β-Glc-7-*O*-α-Rha (K 3-Glc-7-Rha)	2	-	[20]	$C_{27}H_{30}O_{15}$	259	$[M-H]^-$	593.1512	593.1510	0.3	6.4
84	Quercetin 3-*O*-β-Glc-7-*O*-α-Rha (Q 3-Glc-7-Rha)	2	-	[20]	$C_{27}H_{30}O_{16}$	242	$[M-H]^-$	609.1461	609.1442	3.1	8.9
85	Kaempferol 3-*O*-β-(α-Rha(1→2)-Glc)-7-*O*-α-Rha (K 3-(Rha-Glc)-7-Rha)	2	-	[20]	$C_{33}H_{40}O_{19}$	227	$[M-H]^-$	739.2091	739.2090	0.1	3.3
86	Quercetin 3-*O*-(Deoxyhex-Hex)-7-*O*-Deoxyhex (Q 3-(DeoxyHex-Hex)-7-DeoxyHex)	2	-	-	$C_{33}H_{40}O_{20}$	216	$[M-H]^-$	755.2040	755.2023	2.3	13
87	Kaempferol 3-*O*-β-(β-Glc(1→6)-Glc)-7-*O*-α-Rha (K 3-(Glc-Glc)-7-Rha)	2	-	[21]	$C_{33}H_{40}O_{20}$	251	$[M-H]^-$	755.2040	755.2015	3.3	22
88	nonfluorescent chlorophyll catabolite 1 (At-NCC-1)	2	-	[22]	$C_{40}H_{48}N_4O_{13}$	339	$[M-H]^-$	791.3145	791.3112	4.2	8.8
89	nonfluorescent chlorophyll catabolite 4 (At-NCC-4)	2	-	[22]	$C_{41}H_{50}N_4O_{13}$	366	$[M-H]^-$	805.3302	805.3241	7.6	9.9
90[e]	UNK-1 (indolic)	3	-	[7]	$C_{11}H_{10}N_2O$	222	$[M+H]^+$	187.0866	187.0856	5.3	2.1
91	UNK-2 (indolic)	3	-	[10]	$C_{12}H_{12}N_2O_4$	180	$[M+H]^+$	249.0870	249.0856	5.6	4.4
92	UNK-3 (Hexoside, indolic aglycone $C_9H_8N_2O_2$)	3	-	-	$C_{15}H_{18}N_2O_7$	166	$[M-H]^-$	337.1041	337.1024	5.0	24
93	UNK-4 (Hexoside, indolic aglycone $C_9H_7NO_3$)	3	-	[10]	$C_{15}H_{17}NO_8$	175	$[M-H]^-$	338.0881	338.0866	4.4	32
94	UNK-5 (Hexoside, indolic aglycone $C_{10}H_9NO_3$)	3	-	-	$C_{16}H_{19}NO_8$	224	$[M-H]^-$	352.1038	352.1026	3.4	18
95	UNK-6	4	-	-	$C_{10}H_9NO_3$	406	$[M+H]^+$	192.0655	192.0652	1.6	7.6
96	UNK-7	4	-	-	$C_{10}H_9NO_3$	366	$[M+H]^+$	192.0655	192.0648	3.6	6.7
97	UNK-8	4	-	-	$C_{11}H_{11}NO_3$	486	$[M+H]^+$	206.0812	206.0803	4.4	11
98	UNK-9 (Hydroxycamalexin-#3)	3	-	-	$C_{11}H_8N_2OS$	441	$[M+H]^+$	217.0430	217.0425	2.3	3.8
99	UNK-10 (Hexoside, aglycone $C_6H_{11}NO_3$)	3	-	-	$C_{12}H_{21}NO_8$	94	$[M+H]^+$	308.1340	308.1334	1.9	8.7
100	UNK-11 (Malate ester)	3	-	-	$C_{16}H_{20}O_8$	365/380	$[M-H]^-$	339.1085	339.1089	1.2	7.0
101	UNK-12	4	-	-	$C_{10}H_{20}N_2O_3S$	159	$[M+H]^+$	249.1267	249.1263	1.6	13
102	UNK-13	4	-	-	$C_{13}H_{10}N_2O_4S$	305	$[M+H]^+$	291.0434	291.0425	3.1	14
103	UNK-14	4	-	-	$C_{12}H_{19}N_3O_5$	60	$[M-H]^-$	284.1252	284.1244	2.8	5.2
104	UNK-15	4	-	-	$C_{17}H_{17}N_3O_5S_2$	273	$[M+H]^+$	408.0682	408.0671	2.7	6.4
105	UNK-16	4	-	-	$C_{15}H_{13}N_3O_5S$	295	$[M-H]^-$	346.0503	346.0487	4.6	18
106	UNK-17	4	-	-	$C_{15}H_{16}N_2O_6$	158	$[M-H]^-$	319.0936	319.0929	2.2	9.3
107	UNK-18	4	-	-	$C_{12}H_{20}N_2O_4$	201	$[M-H]^-$	255.1350	255.1352	0.8	4.2
108	UNK-19	4	-	-	$C_{17}H_{22}N_2O_7$	201	$[M-H]^-$	365.1354	365.1330	6.6	17
109	UNK-20 ($C_{11}H_{20}O_3$, sulfated)	4	-	-	$C_{11}H_{20}O_6S$	320	$[M-H]^-$	279.0908	279.0890	6.4	10
110	UNK-21	4	-	-	$C_{16}H_{19}NO_9$	216	$[M-H]^-$	368.0987	368.0977	2.7	9.5
111	UNK-22 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_2$)	3	-	-	$C_{21}H_{27}NO_{12}$	192/197	$[M-H]^-$	484.1460	484.1435	5.2	16
112	UNK-23 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_2$)	3	-	-	$C_{21}H_{27}NO_{12}$	230/235	$[M-H]^-$	484.1460	484.1438	4.5	16
113	UNK-24 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_3$)	3	-	-	$C_{21}H_{27}NO_{13}$	242/247	$[M-H]^-$	500.1410	500.1386	4.8	12

Tabelle B.12: CID-massenspektrometrische Daten der annotierten Metabolite. [a]Elementare Zusammensetzung der Fragmentionen unterstützt durch genaue Massemessungen (±10 ppm). Referenzen: [1] Rochfort et al. Phytochemistry 2008, 59, 1671; [2] Böttcher et al. Plant Cell 2009, 21, 1830; [3] Böttcher et al. Plant Phys. 2014, 165, 841. [b]UNK = unbekannte Substanz oder nur putativ charakterisiert (Substanzen 90-113). Siehe nächste Seite.

no.	compound name	elemental composition	precursor CE [eV]	observed fragment ions upon CID[a] *m/z*(rel. int. [%], elemental composition), precursor ion marked in bold
1	Phe	$C_9H_{11}NO_2$	$[M+H]^+$, 10	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
2	*N*-Malonyl-Phe	$C_{12}H_{13}NO_5$	$[M+H]^+$, 15	**252** (0, $C_{12}H_{14}NO_5^+$), 206 (75, $C_{11}H_{12}NO_3^+$), 188 (62, $C_{11}H_{10}NO_2^+$), 166 (5, $C_9H_{12}NO_2^+$), 146 (35, $C_9H_8NO^+$), 120 (100, $C_8H_{10}N^+$)
			$[M-H]^-$, 10	**250** (0, $C_{12}H_{12}NO_5^-$), 206 (100, $C_{11}H_{12}NO_3^-$), 164 (47, $C_9H_{10}NO_2^-$), 147 (8, $C_9H_7O_2^-$)
3	γ-Glu-Phe	$C_{14}H_{18}N_2O_5$	$[M+H]^+$, 15	**295** (5, $C_{14}H_{19}N_2O_5^+$), 278 (25, $C_{14}H_{16}NO_5^+$), 232 (22, $C_{13}H_{14}NO_3^+$), 186 (16, $C_{12}H_{12}NO^+$), 166 (87, $C_9H_{12}NO_2^+$), 149 (8, $C_9H_9NO_2^+$), 131 (6, $C_9H_7O^+$), 130 (12, $C_5H_8NO_3^+$), 120 (100, $C_8H_{10}N^+$)
4	Tyr	$C_9H_{11}NO_3$	$[M+H]^+$, 10	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
5	Trp	$C_{11}H_{12}N_2O_2$	$[M+H]^+$, 10	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
6	Leu/Ile	$C_6H_{13}NO_2$	$[M+H]^+$, 10	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
7	Glutathione (GS-H)	$C_{10}H_{17}N_3O_6S$	$[M+H]^+$, 15	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
8	Raphanusamic Acid	$C_4H_5NO_2S_2$	$[M+H]^+$, 10	**164** (41, $C_4H_6NO_2S_2^+$), 118 (100, $C_3H_4NS_2^+$), 105 (4, $C_3H_5O_2S^+$)
9	Dihomo-Met	$C_7H_{15}NO_2S$	$[M+H]^+$, 10	**178** (19, $C_7H_{16}NO_2S^+$), 161 (100, $C_7H_{13}O_2S^+$), 132 (56, $C_6H_{14}NS^+$), 130 (16, $C_6H_{12}NO_2^+$), 115 (11, $C_6H_{11}S^+$), 84 (36, $C_5H_{10}N^+$)
10	Hexahomo-Met *S*-Oxide	$C_{11}H_{23}NO_3S$	$[M+H]^+$, 15	**250** (3, $C_{11}H_{24}NO_3S^+$), 204 (100, $C_{10}H_{22}NOS^+$), 186 (4, $C_{10}H_{20}NS^+$), 140 (15, $C_9H_{18}N^+$)
11	Pentahomo-Met *S*-Oxide	$C_{10}H_{21}NO_3S$	$[M+H]^+$, 15	**236** (2, $C_{10}H_{22}NO_3S^+$), 190 (100, $C_9H_{20}NOS^+$), 172 (4, $C_9H_{18}NS^+$), 126 (10, $C_8H_{16}N^+$)
12	I3M GLS	$C_{16}H_{20}N_2O_9S_2$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
13	4MeO-I3M GLS	$C_{17}H_{22}N_2O_{10}S_2$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
14	1MeO-I3M GLS	$C_{17}H_{22}N_2O_{10}S_2$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
15	Phenylethyl glucosinolate	$C_{15}H_{21}NO_9S_2$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
16	3MeSO-Propyl GLS	$C_{11}H_{21}NO_{10}S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
17	4MeSO-Butyl GLS	$C_{12}H_{23}NO_{10}S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
18	5MeSO-Pentyl GLS	$C_{13}H_{25}NO_{10}S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
19	7MeSO-Heptyl GLS	$C_{15}H_{29}NO_{10}S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
20	8MeSO-Octyl GLS	$C_{16}H_{31}NO_{10}S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
21	4MeS-Butyl GLS	$C_{12}H_{23}NO_9S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
22	5MeS-Pentyl GLS	$C_{13}H_{25}NO_9S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
23	6MeS-Hexyl GLS	$C_{14}H_{27}NO_9S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
24	7MeS-Heptyl GLS	$C_{15}H_{29}NO_9S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
25	8MeS-Octyl GLS	$C_{16}H_{31}NO_9S_3$	$[M-H]^-$, 25	characteristic ions at *m/z* 259 ($C_6H_{11}O_9S^-$) and *m/z* 97 (HSO_4^-) were observed, see reference [1]
26	GS-IAN	$C_{20}H_{23}N_5O_6S$	$[M+H]^+$, 15	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard, see reference [2]
27	Cys(IAN)	$C_{13}H_{13}N_3O_2S$	$[M+H]^+$, 20	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard, see reference [2]
28	*N*-Malonyl-Cys(IAN)	$C_{16}H_{15}N_3O_5S$	$[M-H]^-$, 10	identical CID mass spectrum as previously reported, see reference [2]
29	Mla(IAN)	$C_{13}H_{12}N_2O_3S$	$[M-H]^-$, 15	identical CID mass spectrum as previously reported, see reference [2]
30	DHCA	$C_{12}H_{10}N_2O_2S$	$[M+H]^+$, 15	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard, see reference [2]
31	DHCA-Gly conjugate	$C_{14}H_{13}N_3O_3S$	$[M+H]^+$, 20	**304** (19, $C_{14}H_{14}N_3O_3S^+$), 258 (3, $C_{13}H_{12}N_3OS^+$), 201 (100, $C_{11}H_9N_2S^+$), 162 (20, $C_5H_8NO_3S^+$), 144 (16, $C_5H_6NO_2S^+$), 143 (35, $C_9H_7N_2^+$), 116 (32, $C_4H_6NOS^+$)
32	DHCA-Gln conjugate	$C_{17}H_{18}N_4O_4S$	$[M+H]^+$, 20	identical CID mass spectrum as previously reported, see reference [2]
33	Camalexin	$C_{11}H_8N_2S$	$[M+H]^+$, 20	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard, see reference [2]
34	Hydroxycamalexin-#1 (HC-#1)	$C_{11}H_8N_2OS$	$[M+H]^+$, 25	**217** (100, $C_{11}H_9N_2OS^+$), 216 (21, $C_{11}H_8N_2OS^{+\bullet}$), 200 (16, $C_{11}H_8N_2S^{+\bullet}$), 199 (9, $C_{11}H_7N_2S^+$), 198 (4, $C_{11}H_7N_2S^{+\bullet}$), 190 (20, $C_{10}H_8NOS^+$), 189 (26, $C_{10}H_9N_2S^+$), 184 (10, $C_{11}H_8N_2O^{+\bullet}$), 176 (21, $C_9H_6NOS^+$), 173 (8, $C_{10}H_7NS^{+\bullet}$), 172 (6, $C_{10}H_6NS^+$), 162 (11, $C_9H_8NS^+$), 158 (67, $C_9H_6N_2O^{+\bullet}$), 156 (14, $C_{10}H_8N_2^{+\bullet}$), 146 (5, $C_9H_8NO^+$), 133 (17, $C_8H_7NO^{+\bullet}$), 132 (21, $C_8H_6NO^+$), 104 (7, $C_7H_6N^+$), 98 (2, $C_4H_4NS^+$), 59 (4, $C_2H_3S^+$)
35	HC-#1 *O*-Hexoside	$C_{17}H_{18}N_2O_6S$	$[M+H]^+$, 10	**379** (100, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 217 (56, $C_{11}H_9N_2OS^+$), see reference [2]
36	HC-#1 *O*-Malonylhexoside	$C_{20}H_{20}N_2O_9S$	$[M+H]^+$, 15	**465** (100, $C_{20}H_{21}N_2O_9S^+$), 421 (19, $C_{19}H_{21}N_2O_7S^+$), 379 (1, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 217 (75, $C_{11}H_9N_2OS^+$)

37	HC-#1 *O*-Malylhexoside	$C_{21}H_{22}N_2O_{10}S$	$[M+H]^+$, 10	**495** (100, $C_{21}H_{23}N_2O_{10}S^+$), 451 (21, $C_{20}H_{23}N_2O_8S^+$), 379 (49, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 333 (47, $C_{15}H_{13}N_2O_5S^+$), 289 (3, $C_{14}H_{13}N_2O_3S^+$), 245 (13, $C_{13}H_{13}N_2OS^+$), 217 (8, $C_{11}H_9N_2OS^+$)
38	Hydroxycamalexin-#2 (HC-#2)	$C_{11}H_8N_2OS$	$[M+H]^+$, 25	**217** (100, $C_{11}H_9N_2OS^+$), 199 (37, $C_{11}H_7N_2S^+$), 198 (23, $C_{11}H_7N_2S^{+\bullet}$), 189 (97, $C_{10}H_9N_2S^+$), 184 (10, $C_{11}H_8N_2O^{+\bullet}$), 176 (6, $C_9H_6NOS^+$), 173 (18, $C_{10}H_7NS^{+\bullet}$), 172 (20, $C_{10}H_6NS^+$), 162 (41, $C_9H_8NS^+$), 158 (40, $C_9H_6N_2O^{+\bullet}$), 156 (64, $C_{10}H_8N_2^{+\bullet}$), 148 (5, $C_8H_6NS^+$), 132 (11, $C_8H_6NO^+$), 118 (4, $C_8H_8N^+$), 117 (5, $C_8H_7N^{+\bullet}$), 104 (24, $C_7H_6N^+$), 98 (3, $C_4H_4NS^+$), 59 (4, $C_2H_3S^+$)
39	HC-#2 *O*-Hexoside	$C_{17}H_{18}N_2O_6S$	$[M+H]^+$, 10	**379** (100, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 217 (25, $C_{11}H_9N_2OS^+$), see reference [2]
40	HC-#2 *O*-Malonylhexoside	$C_{20}H_{20}N_2O_9S$	$[M+H]^+$, 15	**465** (100, $C_{20}H_{21}N_2O_9S^+$), 421 (36, $C_{19}H_{21}N_2O_7S^+$), 379 (4, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 217 (76, $C_{11}H_9N_2OS^+$), see reference [2]
41	HC-#2 *O*-Bis(malonyl)hexoside	$C_{23}H_{22}N_2O_{12}S$	$[M+H]^+$, 20	**551** (51, $C_{23}H_{23}N_2O_{12}S^+$), 507 (18, $C_{22}H_{23}N_2O_{10}S^+$), 465 (3, $C_{20}H_{21}N_2O_9S^+$), 463 (2, $C_{21}H_{23}N_2O_8S^+$), 317 (1, $C_{12}H_{13}O_{10}^+$), 273 (1, $C_{11}H_{13}O_8^+$), 231 (2, $C_9H_{11}O_7^+$), 217 (100, $C_{11}H_9N_2OS^+$), 213 (1, $C_9H_9O_6^+$), 187 (1, $C_8H_{11}O_5^+$), 127 (2, $C_6H_7O_3^+$)
42	HC-#2 *O*-Malylhexoside	$C_{21}H_{22}N_2O_{10}S$	$[M+H]^+$, 10	**495** (26, $C_{21}H_{23}N_2O_{10}S^+$), 447 (5, $C_{21}H_{21}N_2O_9S^+$), 451 (56, $C_{20}H_{23}N_2O_8S^+$), 407 (5, $C_{19}H_{23}N_2O_6S^+$), 379 (100, $C_{17}H_{19}N_2O_6S^+$), 333 (47, $C_{15}H_{13}N_2O_5S^+$), 315 (4, $C_{15}H_{11}N_2O_4S^+$), 289 (11, $C_{14}H_{13}N_2O_3S^+$), 245 (8, $C_{13}H_{13}N_2OS^+$), 217 (10, $C_{11}H_9N_2OS^+$)
43	HC-#2 *O*-(Malyl-malonylhexoside)	$C_{24}H_{24}N_2O_{13}S$	$[M+H]^+$, 15	**581** (8, $C_{24}H_{25}N_2O_{13}S^+$), 563 (5, $C_{24}H_{23}N_2O_{12}S^+$), 537 (59, $C_{23}H_{25}N_2O_{11}S^+$), 493 (17, $C_{22}H_{25}N_2O_9S^+$), 465 (100, $C_{20}H_{21}N_2O_9S^+$), 421 (8, $C_{19}H_{21}N_2O_7S^+$), 315 (6, $C_{15}H_{11}N_2O_4S^-$), 289 (22, $C_{14}H_{13}N_2O_3S^+$), 245 (15, $C_{13}H_{13}N_2OS^+$), 217 (7, $C_{11}H_9N_2OS^+$)
44	I3COOH	$C_9H_7NO_2$	$[M+H]^+$, 10	**162** (61, $C_9H_8NO_2^+$), 144 (56, $C_9H_6NO^+$), 118 (100, $C_8H_8N^+$), 116 (9, $C_8H_6N^+$), see reference [3]
45	I3COOMe	$C_{10}H_9NO_2$	$[M+H]^+$, 10	**176** (41, $C_{10}H_{10}NO_2^+$), 162 (21, $C_9H_8NO_2^+$), 144 (100, $C_9H_6NO^+$), 132 (25, $C_9H_{10}N^+$), 117 (13, $C_8H_7N^{+\bullet}$), 116 (4, $C_8H_6N^+$), see reference [3]
46	I3COOGlc	$C_{15}H_{17}NO_7$	$[M-H]^-$, 10	**322** (100, $C_{15}H_{16}NO_7^-$), 262 (24, $C_{13}H_{12}NO_5^-$), 232 (3, $C_{12}H_{10}NO_4^-$), 202 (6, $C_{11}H_8NO_3^-$), 160 (9, $C_9H_6NO_2^-$), see reference [3]
47	6GlcO-I3COOH	$C_{15}H_{17}NO_8$	$[M-H]^-$, 10	**338** (100, $C_{15}H_{16}NO_8^-$), 176 (159, $C_9H_6NO_3^-$), 132.04 (2, $C_8H_6NO^-$), see reference [3]
48	6HO-I3COOGlc	$C_{15}H_{17}NO_8$	$[M-H]^-$, 10	**338** (100, $C_{15}H_{16}NO_8^-$), 278 (15, $C_{13}H_{12}NO_6^-$), 248 (2, $C_{12}H_{10}NO_5^-$), 218 (5, $C_{11}H_8NO_4^-$), 179 (1, $C_6H_{11}O_6^-$), 176 (10, $C_9H_6NO_3^-$), see reference [3]
49	6GlcO-I3COOGlc	$C_{21}H_{27}NO_{13}$	$[M-H]^-$, 20	**500** (100, $C_{21}H_{26}NO_{13}^-$), 440 (41, $C_{19}H_{22}NO_{11}^-$), 410 (5, $C_{18}H_{20}NO_{10}^-$), 380 (24, $C_{17}H_{18}NO_9^-$), 338 (80, $C_{15}H_{16}NO_8^-$), 278 (12, $C_{13}H_{12}NO_6^-$), 218 (7, $C_{11}H_8NO_4^-$), 176 (40, $C_9H_6NO_3^-$), 101.03 (4, $C_4H_5O_3^-$), see reference [3]
50	1Me-I3COOH	$C_{10}H_9NO_2$	$[M+H]^+$, 10	**176** (40, $C_{10}H_{10}NO_2^+$), 158 (12, $C_{10}H_8NO^+$), 132 (100, $C_9H_{10}N^+$), 117 (9, $C_8H_7N^{+\bullet}$)
51	1Me-I3COOHex	$C_{16}H_{19}NO_7$	$[M-H+FA]^-$, 10	**382** (100, $C_{17}H_{20}NO_9^-$), 336 (34, $C_{16}H_{18}NO_7^-$), 207 (35, $C_7H_{11}O_7^-$), 174 (50, $C_{10}H_8NO_2^-$)
52	$I3MNH_2$	$C_9H_{10}N_2$	$[M+H-NH_3]^+$, 20	**130** (100, $C_9H_8N^+$), 128 (6, $C_9H_6N^+$), 103 (11, $C_8H_7^+$), 77 (2, $C_6H_5^+$)
53	$4MeO\text{-}I3MNH_2$	$C_{10}H_{12}N_2O$	$[M+H-NH_3]^+$, 10	**160** (100, $C_{10}H_{10}NO^+$), 148 (8, $C_9H_{10}NO^+$), 145 (4, $C_9H_7NO^{+\bullet}$), 132 (21, $C_9H_{10}N^+$), 130 (35, $C_9H_8N^+$), 117 (4, $C_8H_7N^{+\bullet}$)
54	4MeO-I3CHO	$C_{10}H_9NO_2$	$[M+H]^+$, 10	**176** (100, $C_{10}H_{10}NO_2^+$), 161 (35, $C_9H_7NO_2^{+\bullet}$), 148 (23, $C_9H_{10}NO^+$), 133 (6, $C_8H_7NO^{+\bullet}$)
55	DihydroAsc Hex	$C_{21}H_{27}NO_{11}$	$[M-H]^-$, 15	**468** (20, $C_{21}H_{26}NO_{11}^-$), 288 (13, $C_{15}H_{14}NO_5^-$), 246 (36, $C_{13}H_{12}NO_4^-$), 226 (28, $C_{14}H_{12}NO_2^-$), 218 (17, $C_{12}H_{12}NO_3^-$), 216 (12, $C_{12}H_{10}NO_3^-$), 210 (23, $C_{13}H_8NO_2^-$), 204 (92, $C_{11}H_{10}NO_3^-$), 188 (100, $C_{11}H_{10}NO_2^-$), 179 (31, $C_6H_{11}O_6^-$), 172 (19, $C_{11}H_{10}NO^-$), 158 (14, $C_{11}H_8NO^-$), 116 (11, $C_8H_6N^-$), see reference [3]
56	$7MeSO\text{-}Heptyl\text{-}NH_2$	$C_8H_{19}NOS$	$[M+H]^+$, 20	**178** (52, $C_8H_{20}NOS^+$), 161 (26, $C_8H_{17}OS^+$), 160 (13, $C_8H_{18}NS^+$), 114 (100, $C_7H_{16}N^+$), 112 (9, $C_7H_{14}N^+$) 97 (20, $C_7H_{13}^+$), 95 (9, $C_7H_{11}^+$)
57	$8MeSO\text{-}Octyl\text{-}NH_2$	$C_9H_{21}NOS$	$[M+H]^+$, 20	**192** (100, $C_9H_{22}NOS^+$), 175 (15, $C_9H_{19}OS^+$), 174 (7, $C_9H_{20}NS^+$), 128 (100, $C_8H_{18}N^+$), 111 (5, $C_8H_{15}^+$), 109 (4, $C_8H_{13}^+$), 97 (5, $C_7H_{13}^+$)
58	Acetylagmatine	$C_7H_{16}N_4O$	$[M+H]^+$, 20	**173** (18, $C_7H_{17}N_4O^+$), 156 (26, $C_7H_{14}N_3O^+$), 131 (5, $C_6H_{15}N_2O^+$), 114 (100, $C_6H_{12}NO^+$), 113 (23, $C_6H_{13}N_2^+$), 72 (9, $C_4H_{10}N^+$)
59	Phenacetylagmatine	$C_{13}H_{20}N_4O$	$[M+H]^+$, 15	**249** (70, $C_{13}H_{21}N_4O^+$), 232 (40, $C_{13}H_{18}N_3O^+$), 207 (7, $C_{12}H_{19}N_2O^+$), 190 (100, $C_{12}H_{16}NO^+$), 189 (35, $C_{12}H_{17}N_2^+$), 120 (4, $C_8H_{10}N^+$), 114 (8, $C_5H_{12}N_2^+$)
60	Coumaroylagmatine	$C_{14}H_{20}N_4O_2$	$[M+H]^+$, 15	**277** (34, $C_{14}H_{21}N_4O_2^+$), 260 (21, $C_{14}H_{18}N_3O_2^+$), 218 (24, $C_{13}H_{16}NO_2^+$) 217 (20, $C_{13}H_{17}N_2O^+$), 147 (100, $C_9H_7O_2^+$), 131 (7, $C_5H_{15}N_4^+$), 119 (3, $C_8H_7O^+$), 114 (22, $C_5H_{12}N_3^+$)
61	Feruloylagmatine	$C_{15}H_{22}N_4O_3$	$[M+H]^+$, 15	**307** (74, $C_{15}H_{23}N_4O_3^+$), 290 (21, $C_{15}H_{20}N_3O_3^+$), 177 (100, $C_{10}H_9O_3^+$), 131 (9, $C_5H_{15}N_4^+$), 114 (10, $C_5H_{12}N_3^+$)
62	*N*-Phenacetyl-Asp	$C_{12}H_{13}NO_5$	$[M-H]^-$, 10	**250** (89, $C_{12}H_{12}NO_5^-$), 232 (3, $C_{12}H_{10}NO_4^-$), 206 (8, $C_{11}H_{12}NO_3^-$), 132 (100, $C_4H_6NO_4^-$), 115 (6, $C_4H_3O_4^-$), 114 (3, $C_4H_4NO_3^-$), 88 (7, $C_3H_6NO_2^-$)
63	SA	$C_7H_6O_3$	$[M-H]^-$, 15	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard
64	SGE	$C_{13}H_{16}O_8$	$[M-H]^-$, 15	**299** (1, $C_{13}H_{15}O_8^-$), 239 (1, $C_{11}H_{11}O_6^-$), 209 (2, $C_{10}H_9O_5^-$), 179 (16, $C_9H_7O_4^-$), 151 (8, $C_8H_7O_3^-$),137 (100, $C_7H_5O_3^-$), 93 (3, $C_6H_5O^-$)
65	SAG	$C_{13}H_{16}O_8$	$[M-H]^-$, 15	**299** (7, $C_{13}H_{15}O_8^-$), 137(100, $C_7H_5O_3^-$), 93(5, $C_6H_5O^-$)
66	2,5-DHBA Hex	$C_{13}H_{16}O_9$	$[M-H]^-$, 15	**315** (100, $C_{13}H_{15}O_9^-$), 153 (13, $C_7H_5O_4^-$), 152 (26, $C_7H_4O_4^{-\bullet}$), 109 (3, $C_6H_5O_2^-$), 108 (6, $C_6H_4O_2^{-\bullet}$)
67	2,5-DHBA Pent	$C_{12}H_{14}O_8$	$[M-H]^-$, 15	**285** (100, $C_{12}H_{13}O_8^-$), 153 (30, $C_7H_5O_4^-$), 152 (45, $C_7H_4O_4^{-\bullet}$), 109 (4, $C_6H_5O_2^-$), 108 (17, $C_6H_4O_2^{-\bullet}$)
68	2,3-DHBA 3-Xyl	$C_{12}H_{14}O_8$	$[M-H]^-$, 15	**285** (100, $C_{12}H_{13}O_8^-$), 153 (55, $C_7H_5O_4^-$), 152 (5, $C_7H_4O_4^{-\bullet}$), 109 (7, $C_6H_5O_2^-$)
69	9,12,13-Trihydroxy-10,15-octadecadienoic acid	$C_{18}H_{32}O_5$	$[M-H]^-$, 20	**327** (67, $C_{18}H_{31}O_5^-$), 309 (6, $C_{18}H_{29}O_4^-$), 291 (16, $C_{18}H_{27}O_3^-$), 239 (9, $C_{13}H_{19}O_4^-$), 229 (59, $C_{12}H_{21}O_4^-$), 221 (12, $C_{13}H_{17}O_3^-$), 211 (100, $C_{12}H_{19}O_3^-$), 185 (7, $C_{10}H_{17}O_3^-$), 183 (12, $C_{11}H_{19}O_2^-$), 177 (6, $C_{12}H_{17}O^-$), 171 (29, $C_9H_{15}O_3^-$)
70	oPDA	$C_{18}H_{28}O_3$	$[M-H]^-$, 25	**291** (56, $C_{18}H_{27}O_3^-$), 273 (23, $C_{18}H_{25}O_2^-$), 247 (59, $C_{17}H_{27}O^-$), 217 (10, $C_{15}H_{21}O^-$), 165 (100, $C_{11}H_{17}O^-$), 163 (21, $C_{11}H_{15}O^-$), 148 (21, $C_{10}H_{12}O^{-\bullet}$)
71	JA	$C_{12}H_{18}O_3$	$[M-H]^-$, 15	identical CID mass spectrum as observed for authenticated standard

72	JA Glc	$C_{18}H_{28}O_8$	$[M-H]^-$, 15	**317** (0, $C_{18}H_{27}O_8^-$), 209 (100, $C_{12}H_{17}O_3^-$)
73	Feruloylmalate (FerM)	$C_{14}H_{14}O_8$	$[M-H]^-$, 20	**309** (0, $C_{14}H_{13}O_8^-$), 193 (100, $C_{10}H_9O_4^-$), 178 (10, $C_9H_6O_4^{\bullet-}$), 149 (13, $C_9H_9O_2^-$), 134 (98, $C_8H_6O_2^{\bullet-}$), 133 (10, $C_4H_5O_5^-$)
74	G(8-*O*-4)FerM	$C_{24}H_{26}O_{12}$	$[M-H]^-$, 20	**505** (0, $C_{24}H_{25}O_{12}^-$), 389 (96, $C_{20}H_{21}O_8^-$), 341 (24, $C_{19}H_{17}O_6^-$), 195 (50, $C_{10}H_{11}O_4^-$), 193 (100, $C_{10}H_9O_4^-$), 165 (17, $C_9H_9O_3^-$)
75	S(8-*O*-4)FerM	$C_{25}H_{28}O_{13}$	$[M-H]^-$, 20	**535** (0, $C_{25}H_{27}O_{13}^-$), 419 (21, $C_{21}H_{23}O_9^-$), 371 (73, $C_{20}H_{19}O_7^-$), 225 (75, $C_{11}H_{13}O_5^-$), 195 (25, $C_{10}H_{11}O_{14}^-$), 193 (100, $C_{10}H_9O_4^-$)
76	G(8-5)FerM	$C_{24}H_{24}O_{11}$	$[M-H]^-$, 20	**487** (0, $C_{24}H_{23}O_{11}^-$), 371 (20, $C_{20}H_{19}O_7^-$), 353 (100, $C_{20}H_{17}O_6^-$), 343 (76, $C_{19}H_{17}O_6^-$), 338 (12, $C_{19}H_{14}O_6^{\bullet-}$), 322 (4, $C_{19}H_{14}O_5^{\bullet-}$), 309 (7, $C_{18}H_{13}O_5^-$), 294 (3, $C_{17}H_{10}O_5^{\bullet-}$), 181 (2, $C_9H_9O_4^-$), 133 (2, $C_4H_5O_5^-$), 115 (4, $C_4H_3O_4^-$)
77	5HO-FerM	$C_{14}H_{14}O_9$	in-source CID	325 (100, $C_{14}H_{13}O_9^-$), 209 (44, $C_{10}H_9O_5^-$), 133 (20, $C_4H_5O_5^-$)
78	Sinapoyl malate (SinM)	$C_{15}H_{16}O_9$	in-source CID	339 (69, $C_{15}H_{15}O_9^-$), 223 (100, $C_{11}H_{11}O_5^-$), 133 (7, $C_4H_5O_5^-$)
79	G(8-*O*-4)SinM	$C_{25}H_{28}O_{13}$	$[M-H]^-$, 20	**535** (0, $C_{25}H_{27}O_{13}^-$), 419 (24, $C_{21}H_{23}O_9^-$), 371 (14, $C_{20}H_{19}O_7^-$), 223 (100, $C_{11}H_{11}O_5^-$), 195 (58, $C_{10}H_{11}O_4^-$), 165 (20, $C_9H_9O_3^-$)
80	SinGlc	$C_{17}H_{22}O_{10}$	$[M-H]^-$, 15	**385** (18, $C_{17}H_{21}O_{10}^-$), 325 (6, $C_{15}H_{17}O_8^-$), 295 (10, $C_{14}H_{15}O_7^-$), 265 (8, $C_{13}H_{13}O_6^-$), 247 (12, $C_{13}H_{11}O_5^-$), 223 (34, $C_{11}H_{11}O_5^-$), 205(100, $C_{11}H_9O_4^-$), 190 ((4, $C_{10}H_6O_4^{\bullet-}$), 179 (2, $C_{10}H_{11}O_3^-$)
81	DiSinGlc	$C_{28}H_{32}O_{14}$	$[M-H]^-$, 20	**591** (15, $C_{28}H_{31}O_{14}^-$), 385 (7, $C_{17}H_{21}O_{10}^-$), 367 (19, $C_{17}H_{19}O_9^-$), 295(27, $C_{14}H_{15}O_7^-$), 277(17, $C_{14}H_{13}O_6^-$), 223(100, $C_{11}H_{11}O_5^-$), 205(99, $C_{11}H_9O_4^-$), 179 (7, $C_{10}H_{11}O_3^-$), 161 (11, $C_6H_9O_5^-$)
82	K 3-Rha-7-Rha	$C_{27}H_{30}O_{14}$	in-source CID	579 (100, $C_{27}H_{31}O_{14}^+$), 433 (14, $C_{21}H_{21}O_{10}^+$), 287 (2, $C_{15}H_{11}O_6^+$)
83	K 3-Glc-7-Rha	$C_{27}H_{30}O_{15}$	in-source CID	595 (100, $C_{27}H_{31}O_{15}^+$), 433 (9, $C_{21}H_{21}O_{10}^+$), 287 (2, $C_{15}H_{11}O_6^+$)
84	Q 3-Glc-7-Rha	$C_{27}H_{30}O_{16}$	$[M-H]^-$, 40	**609** (0, $C_{27}H_{29}O_{16}^-$), 446 (19, $C_{21}H_{18}O_{11}^{\bullet-}$), 301 (29, $C_{15}H_9O_7^-$), 300 (24, $C_{15}H_8O_7^{\bullet-}$), 299 (100, $C_{15}H_7O_7^-$), 271 (11, $C_{14}H_7O_6^-$)
85	K 3-(Rha-Glc)-7-Rha	$C_{33}H_{40}O_{19}$	$[M-H]^-$, 40	**739** (0, $C_{33}H_{39}O_{19}^-$), 593 (42, $C_{27}H_{29}O_{15}^-$), 430 (82, $C_{21}H_{18}O_{10}^{\bullet-}$), 285 (36, $C_{15}H_9O_6^-$), 284 (100, $C_{15}H_8O_6^{\bullet-}$), 283 (72, $C_{15}H_7O_6^-$)
86	Q 3-(DeoxyHex-Hex)-7-DeoxyHex	$C_{33}H_{40}O_{20}$	$[M-H]^-$, 40	**755** (3, $C_{33}H_{39}O_{20}^-$), 609 (8, $C_{27}H_{29}O_{16}^-$), 446 (100, $C_{21}H_{18}O_{11}^{\bullet-}$), 300 (24, $C_{15}H_8O_7^{\bullet-}$), 299 (53, $C_{15}H_7O_7^-$)
87	K 3-(Glc-Glc)-7-Rha	$C_{33}H_{40}O_{20}$	$[M-H]^-$, 40	**755** (0, $C_{33}H_{39}O_{20}^-$), 609 (6, $C_{27}H_{29}O_{16}^-$), 447 (18, $C_{21}H_{19}O_{11}^-$), 431 (18, $C_{21}H_{19}O_{10}^-$), 430 (9, $C_{21}H_{18}O_{10}^{\bullet-}$), 285 (100, $C_{15}H_9O_6^-$), 284 (13, $C_{15}H_8O_6^{\bullet-}$)
88	At-NCC-1	$C_{40}H_{48}N_4O_{13}$	$[M-H]^-$, 40	**791** (0, $C_{40}H_{47}N_4O_{13}^-$), 747 (58, $C_{40}H_{47}N_4O_{11}^-$), 624 (98, $C_{32}H_{38}N_3O_{10}^-$), 580 (85, $C_{31}H_{38}N_3O_8^-$), 400 (42, $C_{25}H_{26}N_3O_2^-$), 314 (25, $C_{14}H_{20}NO_7^-$), 287 (51, $C_{16}H_{19}N_2O_3^-$), 279 (100, $C_{17}H_{15}N_2O_2^-$), 253 (67, $C_{16}H_{17}N_2O^-$)
89	At-NCC-4	$C_{41}H_{50}N_4O_{13}$	$[M+H]^+$, 30	**807** (4, $C_{41}H_{51}N_4O_{13}^+$), 775 (25, $C_{40}H_{47}N_4O_{12}^+$), 684 (10, $C_{34}H_{42}N_3O_{12}^+$), 652 (29, $C_{33}H_{38}N_3O_{11}^+$), 645 (12, $C_{35}H_{41}N_4O_8^+$), 613 (100, $C_{34}H_{37}N_4O_7^+$), 522 (17, $C_{28}H_{32}N_3O_4^+$), 490 (50, $C_{27}H_{28}N_3O_6^+$), 460 (18, $C_{26}H_{26}N_3O_5^+$), 448 (17, $C_{25}H_{26}N_3O_5^+$), 357 (15, $C_{19}H_{21}N_2O_5^+$), 337 (11, $C_{19}H_{17}N_2O_4^+$), 325 (9, $C_{18}H_{17}N_2O_4^+$), 204 (7, $C_{11}H_{10}NO_3^+$), 166 (4, $C_9H_{12}NO_2^+$)
90[b]	UNK-1 (indolic)	$C_{11}H_{10}N_2O$	$[M+H]^+$, 15	**187** (100, $C_{11}H_{11}N_2O^+$), 144 (77, $C_9H_6NO^+$), see reference [2]
91	UNK-2 (indolic)	$C_{12}H_{12}N_2O_4$	$[M-H]^-$, 15	**247** (1, $C_{12}H_{11}N_2O_4^-$), 160 (100, $C_9H_6NO_2^-$), 132 (4, $C_8H_6NO^-$), see reference [3]
92	UNK-3 (Hexoside, indolic aglycone $C_9H_8N_2O_2$)	$C_{15}H_{18}N_2O_7$	$[M-H]^-$, 15	**337** (100, $C_{15}H_{17}N_2O_7^-$), 217 (32, $C_{11}H_9N_2O_3^-$), 175 (84, $C_9H_7N_2O_2^-$), 147 (55, $C_8H_7N_2O^-$).
93	UNK-4 (Hexoside, indolic aglycone $C_9H_7NO_3$)	$C_{15}H_{17}NO_8$	$[M-H]^-$, 15	**338** (19, $C_{15}H_{16}NO_8^-$), 176 (100, $C_9H_6NO_3^-$), 132 (8, $C_8H_6NO^-$) see reference [3]
94	UNK-5 (Hexoside, indolic aglycone $C_{10}H_9NO_3$)	$C_{16}H_{19}NO_8$	$[M-H]^-$, 15	**352** (15, $C_{16}H_{18}NO_8^-$), 190 (100, $C_{10}H_8NO_3^-$), 146 (11, $C_9H_8NO^-$)
95	UNK-6	$C_{10}H_9NO_3$	$[M+H]^+$, 20	**192** (1, $C_{10}H_{10}NO_3^+$), 178 (3, $C_9H_8NO_3^+$), 160 (100, $C_9H_6NO_2^+$), 132 (16, $C_8H_6NO^+$), 104 (12, $C_7H_6N^+$)
96	UNK-7	$C_{10}H_9NO_3$	$[M+H]^+$, 20	**192** (3, $C_{10}H_{10}NO_3^+$), 174 (100, $C_{10}H_8NO_2^+$), 148 (3, $C_9H_{10}NO^+$), 146 (5, $C_9H_8NO^+$), 130 (3, $C_9H_8N^+$), 118 (30, $C_8H_8N^+$)
97	UNK-8	$C_{11}H_{11}NO_3$	$[M+H]^+$, 20	**206** (2, $C_{11}H_{12}NO_3^+$), 192 (10, $C_{10}H_{10}NO_3^+$), 174 (100, $C_{10}H_8NO_2^+$), 147 (9, $C_9H_9NO^{+\bullet}$), 146 (5, $C_9H_8NO^+$), 130 (3, $C_9H_8NO^+$), 118 (15, $C_8H_8N^+$)
98	UNK-9 (Hydroxycamalexin-#3)	$C_{11}H_8N_2OS$	$[M+H]^+$, 25	**217** (89, $C_{11}H_9N_2OS^+$), 199 (10, $C_{11}H_7N_2S^+$), 198 (5, $C_{11}H_7N_2S^{+\bullet}$), 189 (100, $C_{10}H_9N_2S^+$), 184 (2, $C_{11}H_8N_2O^{+\bullet}$), 176 (12, $C_9H_6NOS^+$), 173 (13, $C_{10}H_7NS^{+\bullet}$), 172 (32, $C_{10}H_6NS^+$), 162 (37, $C_9H_8NS^+$), 158 (21, $C_9H_6N_2O^{+\bullet}$), 156 (65, $C_{10}H_8N_2^{+\bullet}$), 155 (35, $C_{10}H_7N_2^+$), 148 (3, $C_8H_6NS^+$), 132 (6, $C_8H_6NO^+$), 118 (3, $C_8H_8N^+$), 117 (4, $C_8H_7N^{+\bullet}$), 104 (11, $C_7H_6N^+$)
99	UNK-10 (Hexoside, aglycone $C_6H_{11}NO_3$)	$C_{12}H_{21}NO_8$	$[M+H]^+$, 10	**308** (24, $C_{12}H_{22}NO_8^+$), 146 (100, $C_6H_{12}NO_3^+$), 128 (6, $C_6H_{10}NO_2^+$), 100 (2, $C_5H_{10}NO^+$)
100	UNK-11 (Malate ester)	$C_{16}H_{20}O_8$	$[M-H]^-$, 10	**339** (14, $C_{16}H_{19}O_8^-$), 223 (99, $C_{12}H_{15}O_4^-$), 179 (100, $C_{11}H_{15}O_2^-$), 135 (5, $C_{10}H_{15}^-$), 133 (11, $C_4H_5O_5^-$), 115 (4, $C_4H_3O_4^-$)
101	UNK-12	$C_{10}H_{20}N_2O_3S$	$[M+H]^+$, 10	**249** (100, $C_{10}H_{21}N_2O_3S^+$), 232 (55, $C_{10}H_{18}NO_3S^+$), 186 (29, $C_9H_{16}NOS^+$), 130 (3, $C_5H_8NO_3^+$), 120 (9, $C_5H_{14}NS^+$), 103 (55, $C_5H_{11}S^+$)
102	UNK-13	$C_{13}H_{10}N_2O_4S$	$[M+H]^+$, 20	**291** (0, $C_{13}H_{11}N_2O_4S^+$), 160 (100, $C_9H_6NO_2^+$), 132 (7, $C_4H_6NO_2S^+$), 86 (2, $C_3H_4NS^+$)
103	UNK-14	$C_{12}H_{19}N_3O_5$	$[M-H]^-$, 15	**284** (65, $C_{12}H_{18}N_3O_5^-$), 266 (50, $C_{12}H_{16}N_3O_4^-$), 242 (9, $C_{10}H_{16}N_3O_4^-$), 240 (4, $C_{11}H_{18}N_3O_3^-$), 224 (14, $C_{10}H_{14}N_3O_3^-$), 198 (100, $C_9H_{16}N_3O_2^-$), 180 (25, $C_9H_{14}N_3O^-$), 145 (5, $C_5H_9N_2O_3^-$), 127 (6, $C_5H_7N_2O_2^-$)
104	UNK-15	$C_{17}H_{17}N_3O_5S_2$	$[M+H]^+$, 10	**408** (46, $C_{17}H_{18}N_3O_5S_2^+$), 201 (100, $C_{11}H_9N_2S^+$)

105	UNK-16	$C_{15}H_{13}N_3O_5S$	$[M-H]^-$, 10	**346** (100, $C_{15}H_{12}N_3O_5S^-$), 312 (13, $C_{15}H_{10}N_3O_5^-$), 271 (24, $C_{13}H_7N_2O_3S^-$), 268 (5, $C_{14}H_{10}N_3O_3^-$), 213 (5, $C_7H_5N_2O_4S^-$), 187 (67, $C_6H_7N_2O_3S^-$), 169 (6, $C_6H_5N_2O_2S^-$)
106	UNK-17	$C_{15}H_{16}N_2O_6$	$[M-H]^-$, 20	**319** (25, $C_{15}H_{15}N_2O_6^-$), 229 (1, $C_{12}H_9N_2O_3^-$), 199 (4, $C_{11}H_7N_2O_2^-$), 156 (100, $C_6H_6NO_4^-$), 128 (1, $C_5H_6NO_3^-$)
107	UNK-18	$C_{12}H_{20}N_2O_4$	$[M-H]^-$, 15	**255** (100, $C_{12}H_{19}N_2O_4^-$), 213 (55, $C_{10}H_{17}N_2O_3^-$), 169 (77, $C_9H_{17}N_2O^-$), 140 (4, $C_7H_{10}NO_2^-$), 116 (8, $C_5H_{10}NO_2^-$)
108	UNK-19	$C_{17}H_{22}N_2O_7$	$[M-H]^-$, 15	**365** (63, $C_{17}H_{21}N_2O_7^-$), 248 (30, $C_9H_{14}NO_7^-$), 203 (10, $C_{11}H_{11}N_2O_2^-$), 185 (100, $C_{11}H_9N_2O^-$), 179 (9, $C_6H_{11}O_6^-$), 161 (8, $C_6H_9O_5^-$), 155 (9, $C_{10}H_7N_2^-$), 116 (95, $C_8H_6N^-$)
109	UNK-20 ($C_{11}H_{20}O_3$, sulfated)	$C_{11}H_{20}O_6S$	$[M-H]^-$, 20	**279** (44, $C_{11}H_{19}O_6S^-$), 199 (56, $C_{11}H_{19}O_3^-$), 97 (100, HSO_4^-)
110	UNK-21	$C_{16}H_{19}NO_9$	$[M-H]^-$, 30	**368** (0, $C_{16}H_{18}NO_9^-$), 206 (51, $C_{10}H_8NO_4^-$), 205 (100, $C_{10}H_7NO_4^{-\bullet}$), 190 (21, $C_9H_4NO_4^-$), 162 (66, $C_9H_8NO_2^-$), 147 (77, $C_8H_5NO_2^{-\bullet}$), 146 (72, $C_8H_4NO_2^-$)
111	UNK-22 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_2$)	$C_{21}H_{27}NO_{12}$	$[M-H]^-$, 20	**484** (93, $C_{21}H_{26}NO_{12}^-$), 341 (100, $C_{12}H_{21}O_{11}^-$), 322 (4, $C_{15}H_{16}NO_7^-$), 304 (63, $C_{15}H_{14}NO_6^-$), 214 (3, $C_{12}H_8NO_3^-$), 179 (18, $C_6H_{11}O_6^-$), 161 (9, $C_6H_9O_5^-$), 160 (17, $C_9H_6NO_2^-$)
112	UNK-23 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_2$)	$C_{21}H_{27}NO_{12}$	$[M-H]^-$, 20	**484** (36, $C_{21}H_{26}NO_{12}^-$), 341 (30, $C_{12}H_{21}O_{11}^-$), 322 (4, $C_{15}H_{16}NO_7^-$), 304 (100, $C_{15}H_{14}NO_6^-$), 262 (5, $C_{13}H_{12}NO_5^-$), 214 (6, $C_{12}H_8NO_3^-$), 179 (7, $C_6H_{11}O_6^-$), 161 (6, $C_6H_9O_5^-$), 160 (7, $C_9H_6NO_2^-$)
113	UNK-24 (Dihexoside, aglycone $C_9H_7NO_3$)	$C_{21}H_{27}NO_{13}$	$[M-H]^-$, 20	**500** (43, $C_{21}H_{26}NO_{13}^-$), 341 (4, $C_{12}H_{21}O_{11}^-$), 320 (7, $C_{15}H_{14}NO_7^-$), 176 (100, $C_9H_6NO_3^-$), 158 (30, $C_9H_4NO_2^-$), 132 (1, $C_8H_6NO^-$)

zu Kapitel 3.3 - Anwendung der PAPE mit den Transformanten-Linien zur Identifikation neuer MPK3/6 Zielproteine

Tabelle B.13: Differentiell regulierte Proteine vier Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE. Blattproben wurden vier Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 12_Col-0 DD vs KR nach 4h DEX_PAPE.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.14: Differentiell regulierte Proteine fünf Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE. Blattproben wurden fünf Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 13_Col-0 DD vs KR nach 4-6h DEX_PAPE.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.15: Differentiell regulierte Proteine sieben Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE. Blattproben wurden sieben Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 14_Col-0 DD vs KR nach 6-7h DEX_PAPE.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.16: Differentiell regulierte Proteine acht Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE. Blattproben wurden acht Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 15_Col-0 DD vs KR nach 7-8h DEX_PAPE.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.17: Differentiell regulierte Proteine vier Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE in *mpk3* DD. Blattproben wurden vier Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per LC-MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 16_Col-0_vs_mpk3 4h.xls auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.18: Differentiell regulierte Proteine sieben bis acht Stunden nach DEX-Behandlung und PAPE in *mpk6* DD. Blattproben wurden acht Stunden nach Besprühen geerntet, PAPE unterzogen, per MS analysiert und mit Progenesis LC-MS ausgewertet. Die Tabelle ist als 17_Col-0_vs_mpk6 8h.xls auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.19: Phosphorylierte Peptide aus allen PAPE-Experimenten. Alle Peptide, die eine Phosphorylierung als Modifikation trugen, wurden gelistet. Die Tabelle ist als 18_Phosphopeptide_allePAPE_WTMutanten.xls auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.20: SP/TP-phosphorylierte Peptide. Peptide, die erst nach Aktivierung von MPK3/6 eine Phosphorylierung an SP oder TP zeigten, wurden hier gelistet. Die Tabelle ist als 19_SPTP_Aktiv-Kontrolle.xlsx auf der CD hinterlegt.

Tabelle B.21: Aufschlüsselung der Proteine aus Abb. 4.2. Die Tabelle ist als 20_Tabelle_bioticStress_Abb.xlsx auf der CD hinterlegt.

C Anhang - MS-Log-Dateien

MS-Log-Datei C.1: *TuneMethod* für Methode 1. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 101_Methode1_TuneMethod.txt.

MS-Log-Datei C.2: *InstrumentMethod* für Methode 1. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 102_Methode1_InstrumentMethod.txt.

MS-Log-Datei C.3: *TuneMethod* für Methode 2. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 103_Methode2_TuneMethod.txt.

MS-Log-Datei C.4: *InstrumentMethod* für Methode 2. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 104_Methode2_InstrumentMethod.txt.

MS-Log-Datei C.5: *TuneMethod* für Methode 3. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 105_Methode3_TuneMethod.txt.

MS-Log-Datei C.6: *InstrumentMethod* für Methode 3. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 106_Methode3_InstrumentMethod.txt.

MS-Log-Datei C.7: *TuneMethod* für Methode 4. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 107_Methode4_TuneMethod.txt.

MS-Log-Datei C.8: *InstrumentMethod* für Methode 4. Die zugehörige Datei befindet sich auf der CD unter 108_Methode4_InstrumentMethod.txt.

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit erkläre ich, dass ich mich mit der vorliegenden wissenschaftlichen Arbeit erstmals um die Erlangung des Doktorgrades bewerbe, die Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst, nur die angegebenen Quellen und Hilfsmittel genutzt und die den benutzten Werken wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen als solche kenntlich gemacht habe.

Halle (Saale), den 23.01.2014

Ines Lassowskat

Lebenslauf

Persönliche Daten

Name	Ines Lassowskat
Akademischer Grad	Dipl. Biochem.
Geburtsdatum	06.02.1984
Geburtsort	Görlitz
Geschlecht	weiblich
Nationalität	deutsch

Beruflicher Werdegang

04/2009-11/2013	**Dissertation am Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie** in der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie (Arbeitsgruppe „Zelluläre Signaltransduktion“) Thema: „Catch me if you can - Identifikation neuer Substrate Mitogen-aktivierter Proteinkinasen (3/6) in *Arabidopsis thaliana* mittels eines Phosphoproteomics-basierten Ansatzes“
11/2008-03/2009	**wissenschaftlicher Hilfsmitarbeiter** am Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie

Studium

10/2003-10/2008	**Studium der Biochemie** an der Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg Abschluss: Diplom (1,8) **Diplomarbeit am Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie** in der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie (Arbeitsgruppe „Zelluläre Signaltransduktion“) Thema: „Optimierung, Erweiterung und Anwendung der Metalloxid-Affinitätschromatographie zur Phosphoproteomanalyse von *Arabidopsis thaliana*“

Schulausbildung

09/1990-07/2003	Gymnasium 4 Königshufen, Görlitz und Domgymnasium, Merseburg Abschluss: Abitur (1,4)

studentische Nebentätigkeit

07/2003-01/2009	**Kassenmitarbeiter** Kaufland Warenhandel GmbH & Co. KG

Halle (Saale), den 23.01.2014

Publikationsliste

Lassowskat, I., Böttcher, C., Eschen-Lippold, L., Scheel, D., Lee, J.
Sustained mitogen-activated protein kinase activation reprograms defense metabolism and phosphoprotein profile in *Arabidopsis thaliana*.
Submitted to *Frontiers in Plant Science*, 2014.

Majovsky, P., Naumann, C., Lee, C. W., **Lassowskat, I.**, Trujillo, M., Dissmeyer, N., Hoehenwarter. W.
Targeted proteomics analysis of protein degradation in plant signaling on an LTQ-Orbitrap mass spectrometer.
Journal of Proteome Research, 2014, DOI: 10.1021/pr500164j.

Carrasco, J. L., Castelló M. J., Naumann K., **Lassowskat I.**, Navarrete M., Scheel D., Vera P.
Arabidopsis protein phosphatase DBP1 nucleates a protein network with a role in regulating plant defense.
PLoS ONE, 2014, 9(3):e90734, DOI: 10.1371/journal.pone.0090734.

Lassowskat, I., Naumann, K., Lee, J. and Scheel, D.
PAPE - Pre-fractionation assisted phosphoprotein enrichment, a novel approach for phosphoproteomic analysis of green tissues from plants
Proteomes, 2013, 1(3), 254-274, DOI:10.3390/proteomes1030254.

Widjaja, I., **Lassowskat, I.**, Bethke, G., Eschen-Lippold, L., Long, H.-H., Naumann, K., Dangl, J. L., Scheel, D. & Lee, J.
A protein phosphatase 2C, responsive to the bacterial effector AvrRpm1 but not to the AvrB effector, regulates defense responses in *Arabidopsis*.
The Plant Journal, 2010, 61(2), 249-258, DOI: 10.1111/j.1365-313X.2009.04047.x.

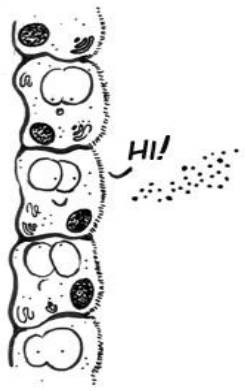
DANKSAGUNG

ZUNÄCHST MÖCHTE ICH MICH BEI PROF. DR. DIERK SCHEEL FÜR DIE MÖGLICHKEIT BEDANKEN MEINE DISSERTATION IN DER ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE DES IPB ANZUFERTIGEN. AUSSERDEM DANKE ICH IHM FÜR DIE ÜBERNAHME MEINES ERSTGUTACHTENS.
MEIN DANK GEHT EBENSO AN DEN ZWEIT- UND DRITTGUTACHTER FÜR DIE ÜBERNAHME EINES GUTACHTENS.

BEI DR. JUSTIN LEE UND DR. KAI NAUMANN MÖCHTE ICH MICH FÜR DIE BETREUUNG UND DISKUSSIONEN BEDANKEN, DIE DIESE ARBEIT VORANGEBRACHT HABEN.
DR. CHRISTOPH BÖTTCHER DANKE ICH FÜR DIE DURCHFÜHRUNG DER METABOLISCHEN MS-MESSUNGEN SOWIE DEREN AUSWERTUNG UND DISKUSSION. DR. LENNART ESCHEN-LIPPOLD DANKE ICH FÜR DIE TEYS, DIE MICH FAST IN DEN WAHNSINN TRIEBEN.
IM RAHMEN DES PATHONET-PROJEKTES MÖCHTE ICH MICH BEI ALLEN BETEILIGTEN FÜR DIE DISKUSSIONEN UND IM BESONDEREN BEI DR. WOLFGANG HOEHENWARTER FÜR DIE ANREGUNGEN ZUR PUBLIKATION BEDANKEN.

EIN GANZ BESONDERER DANK GEHT AN SYLVIA KRÜGER DEREN HILFE BEIM PIKIEREN DER PFLÄNZCHEN UND DER PROBENAUFARBEITUNG UNVERZICHTBAR WAR!
EBENFALLS MÖCHTE ICH MICH BEI PETRA MAJOVSKY FÜR DIE UNTERSTÜTZUNG BEI DER LC-MS BEDANKEN UND BEI ALEXANDER OTTO FÜR DIE PATHO-ASSAYS, AUCH WENN DIESE LEIDER KEINEN EINZUG IN DIESE ARBEIT GEHALTEN HABEN.

DER ABTEILUNG SEB SOWIE HAUS E2 DANKE ICH FÜR DIE ANGENEHME ARBEITSATMOSPHÄRE, DEN MOTIVATIONSZUSPRUCH UND DAS EIN ODER ANDERE PÄUSCHEN ZUR ÜBERBRÜCKUNG DER ZENTRIFUGEN-LAUFZEIT. INSBESONDERE DIE HUMORISTISCHEN EINLAGEN VON MIEDER UND ANDI LERNTE ICH ZU SCHÄTZEN.
DER MITTAGSPAUSEN-RUNDE DANKE ICH FÜR DIE ABLENKUNG ZWISCHENDRIN UND DEN KULINARISCHEN AUSTAUSCH!



MEINEN FREUNDEN DANKE ICH FÜR DIE GEDULD, DIE ABLENKUNG UND DEN ZUSPRUCH VON MUT, WENN'S MAL WIEDER DÜSTER AUSSAH. BESONDERS MÖCHTE ICH MICH BEI CLAUDI BEDANKEN, DIE MIT MIR SEIT DEM STUDIUM GEMEINSAM DIESEN MANCHMAL HOLPRIGEN WEG BESCHRITTEN HAT.

ZUM SCHLUSS BEDANKE ICH MICH BEI MEINER FAMILIE FÜR DIE UNTERSTÜTZUNG UND DIE WENIGEN NACHFRAGEN NACH DEM STAND DER DINGE.

NACH LANGWIERIGEN FORSCHUNGSARBEITEN KONNTE ENDLICH DIE ZELLULÄRE ANTWORT DES MENSCHLICHEN LUNGENEPITHELS AUF *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ZUFRIEDEN-STELLEND AUFGEKLÄRT WERDEN!

© www.laborfrust.de

DAS WICHTIGSTE NATÜRLICH:

DANKE DANIEL, FÜR ALLES :)

Tabelle B1: All proteins identified in this study (based on Scaffold version 3.6.5 software with the following parameters: Protein identification threshold=99%; Min.# of peptides used in identification=2; Min peptide threshold = 90%)

			Quantitative Value (Normalized total spectra)											
				crude extract			40% AS			MOAC			PAPE	
Accession Numb	Description	Mol. Wt. [kDa	repli. 1	repli. 2	repli. 3	repli. 1	repli. 2	repli. 3	repli. 1	repli. 2	repli. 3	repli. 1	repli. 2	repli. 3
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	52	950.9	850.7	878.1	2039.4	2140.3	2095.3	473.0	770.1	673.3	2193.0	2071.3	1549.7
ATCG00490.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	53	1541.4	1342.1	1200.2	487.5	481.0	449.4	2392.9	1521.3	1198.3	1038.2	1016.8	978.1
AT5G52310.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) /	78	117.2	126.0	102.8	543.6	637.2	600.4	640.7	560.3	1238.6	1573.6	2569.3	1527.4
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	54	319.6	326.3	249.0	892.4	915.6	841.0	347.6	367.7	444.4	926.6	613.9	614.6
AT5G09660.1 (+	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	37	383.1	366.2	352.4	695.5	754.4	774.2	213.5	486.8	423.6	763.0	685.2	598.9
AT5G40450.1	unknown protein	323	0.0	0.0	0.0	654.6	669.0	661.6	55.8	0.0	115.0	1301.3	1896.2	1306.5
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	44	201.8	194.9	172.9	687.9	814.9	787.4	240.4	287.9	249.3	740.1	679.3	670.4
AT4G20360.1	ATRAB8D, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	52	263.6	277.5	269.9	536.7	474.8	455.3	312.5	316.2	274.6	712.8	495.8	710.2
AT3G01500.1	CA1, ATBCA1, SABP3, ATSABP3 - carbonic anhydrase 1	30	315.2	297.0	317.6	310.8	279.0	257.4	406.2	480.2	548.6	496.1	535.9	577.0
AT1G06680.1	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	28	800.8	836.3	848.9	176.1	199.9	206.1	143.9	317.3	418.6	110.4	112.9	88.8
AT1G55490.1 (+	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	64	506.2	503.8	504.7	217.0	234.1	244.9	314.3	437.8	394.4	331.2	398.3	374.1
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	62	209.4	236.0	203.2	533.9	486.4	443.7	424.0	225.8	255.9	433.7	427.3	401.9
AT3G60750.1	Transketolase	80	466.7	402.8	339.3	82.7	65.1	70.5	773.8	582.7	635.2	207.8	206.5	240.8
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	103	184.1	210.3	173.5	358.6	392.6	372.2	375.9	335.3	296.5	493.1	606.4	588.9
AT4G38970.1	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	43	387.2	398.6	305.9	222.0	214.7	213.1	364.5	392.8	538.5	402.2	409.9	402.1
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	55	72.0	76.6	88.1	458.7	530.9	424.8	160.1	175.3	126.4	730.6	666.7	868.4
AT4G29060.1	emb2726 - elongation factor Ts family protein	104	284.5	347.8	293.2	336.1	386.7	360.6	302.4	306.5	381.2	333.0	304.5	182.9
AT4G37930.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	57	733.5	722.8	709.6	44.9	42.4	48.9	262.3	499.6	225.5	6.2	0.0	0.0
AT1G67090.1	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	20	417.4	400.6	421.8	96.5	112.6	103.1	318.8	634.2	733.4	72.4	92.9	163.0
AT5G04140.1 (+	GLU1, GLS1, GLUS, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	177	498.4	465.6	333.6	43.1	33.7	36.2	724.9	526.6	433.2	52.2	50.4	51.8
AT1G20620.1	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	57	163.2	149.0	148.8	439.9	317.6	317.1	179.2	177.6	140.3	578.2	604.3	546.2
AT1G11860.1 (+	Glycine cleavage T-protein family	44	657.5	642.7	719.7	45.2	41.4	28.9	228.4	485.3	323.1	12.0	12.6	0.0
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	50	426.1	370.2	353.7	106.4	81.0	91.3	521.8	376.6	355.6	109.4	91.1	102.5
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	48	396.9	389.1	338.6	139.4	145.9	149.3	286.6	489.7	359.5	121.2	127.4	141.8
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	44	163.9	156.7	115.0	399.1	349.3	309.0	263.2	156.2	202.0	346.2	346.1	429.4
AT5G02500.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	71	142.7	147.0	103.7	305.0	341.9	293.7	410.7	183.6	232.9	319.6	183.4	251.6
AT4G33010.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	113	512.1	524.8	330.9	46.7	37.1	20.7	444.8	482.1	264.1	28.0	3.8	3.6
AT1G07920.1 (+	GTP binding Elongation factor Tu family protein	50	218.7	251.6	220.0	168.5	208.4	196.0	181.6	648.5	320.8	197.7	221.7	163.0
AT3G14420.1 (+	Aldolase-type TIM barrel family protein	40	202.2	249.4	176.4	334.8	281.6	256.9	276.0	257.5	178.3	233.5	189.8	230.2
AT2G27710.1 (+	60S acidic ribosomal protein family	11	140.2	109.3	116.0	137.5	154.6	123.1	517.9	352.6	681.2	327.8	454.0	460.0
AT1G56070.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	94	321.4	343.5	306.9	104.4	75.6	79.5	442.3	349.9	262.3	115.2	75.6	124.0
AT4G21280.1	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	24	488.9	430.0	464.6	147.6	141.8	155.5	85.5	171.6	277.9	47.2	41.1	19.2
AT4G24280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	77	268.7	226.4	222.8	326.8	383.3	374.3	156.8	119.3	222.5	61.3	40.8	33.5
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	42	393.5	363.4	394.9	105.2	131.3	103.1	362.5	490.9	279.3	112.2	98.2	138.9
AT5G35630.1 (+	GS2, GLN2, ATGSL1 - glutamine synthetase 2	47	196.8	218.2	161.1	160.5	174.8	151.9	337.3	242.0	226.0	192.7	177.2	133.1
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	35	343.4	354.3	384.1	155.8	169.3	184.6	94.5	194.7	316.1	39.1	85.3	0.0
AT5G14740.2 (+	CA2, CA18, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	28	395.8	350.7	392.9	341.2	302.1	285.5	420.9	563.3	584.9	532.6	597.5	602.9
AT4G35090.1	CAT2 - catalase 2	57	270.2	251.0	257.9	446.7	406.0	323.3	197.3	247.9	195.2	391.1	471.1	432.9
AT5G17920.1 (+	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	84	318.2	314.5	233.0	45.9	21.8	27.2	423.4	346.9	327.5	47.3	60.5	91.0
AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein family	11	96.6	75.8	82.8	108.6	115.8	109.2	324.3	250.7	393.2	265.0	368.4	345.2
AT2G38040.1 (+	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	85	36.6	36.1	38.1	247.2	221.8	226.8	291.1	105.2	171.8	365.0	349.5	384.9
AT1G60950.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1493.8	0.0	10.8	0.0	0.0	0.0
AT4G13940.1	HOG1, EMB1395, SAHH1, MEE58, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydro	53	119.6	125.9	120.5	197.0	184.3	130.0	257.7	271.5	173.4	287.1	223.5	301.9
AT1G48030.1 (+	mtLPD1 - mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1	54	421.1	437.0	468.8	13.8	33.9	17.1	158.7	418.0	222.4	0.0	0.0	0.0
AT1G04410.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	36	398.3	427.6	398.5	41.7	33.1	36.2	123.8	310.6	326.4	28.1	25.2	38.2
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	39	391.9	392.0	415.4	31.7	12.2	39.7	141.0	361.8	340.7	17.1	0.0	0.0
AT1G07320.1 (+	RPL4 - ribosomal protein L4	31	23.7	30.8	45.4	68.2	82.5	100.4	190.2	245.3	246.5	353.4	564.4	592.9
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family prote	33	145.3	160.9	157.3	266.7	307.7	297.6	68.3	101.9	63.9	261.2	159.6	156.2
AT5G08670.1 (+	ATP synthase alpha/beta family protein	60	138.1	120.4	81.8	365.2	288.4	294.2	100.0	104.7	63.5	282.7	173.8	228.6

AT5G38410.1 (+	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	20	376.1	402.5	400.9	115.8	119.3	100.3	291.2	619.4	677.3	80.3	75.6	154.9
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	43	321.9	350.7	278.6	24.1	10.1	17.2	229.4	330.9	233.1	40.2	83.5	64.6
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	47	0.0	0.0	0.0	76.0	80.3	86.7	47.5	7.5	133.6	542.0	911.9	621.7
AT4G27440.1 (+	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	43	163.5	174.6	201.5	193.6	200.9	171.6	35.0	203.9	104.2	222.7	152.4	164.0
AT1G23310.1	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	53	249.9	263.5	250.9	67.4	47.7	42.5	235.8	281.2	225.7	62.3	69.0	61.2
AT3G18780.2	ACT2, DER1, LSR2, ENL2 - actin 2	42	27.7	25.6	22.5	272.0	226.7	246.6	94.3	33.0	69.5	442.3	301.7	287.3
AT1G53240.1	mMDH1 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	36	373.2	361.4	385.8	41.6	62.0	51.5	130.8	306.8	266.2	0.0	0.0	0.0
AT5G42020.1	BIP, BIP2 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	74	114.0	130.5	134.8	139.2	123.1	139.2	321.4	196.4	256.5	171.7	178.1	216.0
AT1G78900.1 (+	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	69	0.0	17.6	0.0	331.7	236.5	229.5	106.9	0.0	0.0	283.9	363.9	471.7
AT5G20720.1 (+	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	27	319.3	283.9	280.6	134.3	171.8	160.9	40.7	150.8	201.1	2.1	0.0	0.0
AT5G46290.1	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	50	197.5	189.1	230.5	135.4	140.9	125.6	69.0	164.9	82.2	189.5	177.4	169.5
AT3G44310.1 (+	NIT1, ATNIT1, NITI - nitrilase 1	38	66.8	38.8	44.7	240.6	268.1	237.6	95.2	93.7	23.9	248.0	259.2	302.3
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	25	311.6	318.1	332.7	95.9	77.7	102.2	33.6	164.9	231.1	60.4	113.5	69.9
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	193	0.0	0.0	0.0	183.1	135.3	129.2	85.2	0.0	0.0	413.6	475.1	720.7
AT1G76030.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	54	16.2	34.4	4.6	276.5	245.6	216.0	110.2	34.8	51.4	273.6	185.9	318.8
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	41	313.3	298.3	333.3	0.0	0.0	0.0	165.2	223.2	145.6	38.1	17.4	20.1
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	44	314.9	309.8	372.8	0.0	0.0	0.0	117.2	315.5	159.9	0.0	0.0	0.0
AT3G08580.1 (+	AAC1 - ADP/ATP carrier 1	41	57.9	69.4	67.6	171.4	214.2	191.2	76.7	137.3	93.7	240.6	258.4	210.6
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	48	375.7	375.3	332.0	12.9	0.0	7.2	170.7	133.1	97.0	0.0	0.0	0.0
AT4G16155.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	67	187.6	170.5	197.1	189.9	187.0	174.3	68.3	248.1	104.2	11.9	0.0	0.0
AT1G68010.1 (+	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	42	220.8	198.0	200.7	33.9	36.2	37.1	232.9	226.8	218.5	52.4	27.0	45.0
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	40	110.1	123.4	79.0	238.0	250.9	246.7	48.8	149.1	91.9	116.4	56.0	70.6
AT2G21330.1	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	43	290.7	310.6	197.0	180.2	149.3	143.3	287.0	272.2	369.2	263.5	252.9	253.8
AT3G62030.1 (+	ROC4 - rotamase CYP 4	28	365.2	303.3	276.3	25.1	24.8	22.5	98.0	224.0	137.0	2.0	0.0	0.0
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	86	187.5	178.8	146.6	63.3	30.9	40.7	319.5	204.6	180.2	48.2	25.2	12.0
AT1G13440.1	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	37	207.5	165.3	156.4	60.5	42.3	31.6	212.1	280.4	176.3	54.0	41.7	43.5
AT5G26000.1 (+	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	61	165.7	141.9	83.7	14.8	24.8	39.8	280.3	251.0	475.1	0.0	0.0	0.0
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	48	11.4	29.1	1.8	296.8	348.0	310.6	68.5	58.6	45.3	138.4	116.9	96.3
AT3G09200.1	Ribosomal protein L10 family protein	34	0.0	10.6	0.0	110.6	107.2	137.4	216.7	76.3	89.7	210.7	352.1	362.1
AT4G14960.2 (+	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	50	0.0	0.0	0.0	115.7	124.0	102.2	72.8	0.0	0.0	381.5	519.5	474.4
AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	41	274.6	266.1	299.1	0.0	0.0	0.0	92.1	234.7	290.9	0.0	0.0	0.0
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	50	45.2	52.9	46.5	239.8	268.8	239.6	77.6	89.8	114.4	157.0	167.0	153.2
AT1G20450.1 (+	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	30	0.0	16.8	2.9	44.9	61.1	61.5	182.5	238.2	383.4	172.5	238.7	197.5
AT2G25080.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	26	225.3	215.2	242.4	61.3	66.2	67.8	66.5	211.0	221.7	0.0	0.0	3.3
AT3G26060.1	ATPRX Q - Thioredoxin superfamily protein	24	278.2	280.1	306.3	50.9	54.7	53.3	59.5	78.7	138.8	21.1	0.0	32.2
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	115	21.2	21.2	0.0	205.7	163.6	133.9	70.8	0.0	0.0	372.1	241.1	339.0
AT2G38230.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	33	172.6	181.2	224.2	296.4	326.7	294.0	72.6	100.8	97.5	229.3	128.6	88.2
AT2G07698.1	ATPase, F1 complex, alpha subunit protein	86	16.5	25.5	22.3	177.4	164.1	154.4	66.5	78.8	86.4	321.4	246.0	278.2
AT4G26530.1 (+	Aldolase superfamily protein	38	243.0	235.4	259.8	43.1	30.1	29.9	126.0	180.2	141.3	43.3	42.9	54.2
AT2G37660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	35	280.7	279.8	311.3	0.0	0.0	0.0	83.8	117.4	216.1	0.0	0.0	0.0
AT5G52300.1	RD29B, LTI65 - CAP160 protein	66	63.6	58.1	63.2	157.0	216.0	193.7	84.0	75.3	200.9	68.4	122.9	82.0
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	49	198.7	181.3	230.5	54.5	45.9	48.8	62.0	219.1	185.3	33.2	3.8	13.3
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	18	278.1	259.1	290.4	10.4	15.9	20.8	65.9	152.1	157.3	0.0	0.0	0.0
AT1G13930.1 (+	Involved in response to salt stress. Knockout mutants are hypersensitive to salt	16	280.1	273.0	280.3	80.5	80.5	91.2	26.4	38.1	90.6	0.0	0.0	0.0
AT4G11150.1	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	26	119.4	122.4	148.4	168.0	176.0	177.2	23.7	67.1	66.8	89.4	81.9	81.7
AT3G54050.1 (+	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	45	139.8	141.0	123.3	25.8	24.8	22.6	249.2	211.3	229.4	32.1	18.9	27.0
AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	58	38.2	35.3	29.7	250.1	286.8	254.2	30.9	64.3	51.5	93.5	105.4	87.0
AT2G13360.1 (+	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	44	69.3	72.1	58.3	173.6	156.9	120.2	154.7	110.7	103.5	117.4	67.9	64.6
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	30	46.4	49.5	53.1	55.6	34.2	46.1	142.3	225.2	336.6	102.4	240.9	234.5
AT5G35360.1	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	58	86.0	71.3	56.5	157.8	178.4	143.6	43.4	61.6	62.3	166.6	162.2	177.1
AT3G47520.1	MDH - malate dehydrogenase	42	126.5	110.2	117.6	171.5	198.6	183.5	70.0	112.6	55.1	37.2	12.6	12.8
AT3G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	89	121.2	113.6	69.8	177.4	166.2	146.6	152.1	47.7	28.7	47.1	82.3	44.7
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	37	152.9	163.9	196.7	81.2	93.1	94.1	83.2	106.8	173.3	12.1	44.1	32.4
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	17	197.4	232.4	225.6	53.4	76.2	49.6	52.9	101.8	167.3	0.0	0.0	0.0

AT5G15450.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	109	4.2	3.4	0.0	329.7	245.9	245.0	64.4	22.6	4.4	156.7	22.7	35.5
AT1G76180.1 (+	ERD14 - Dehydrin family protein	21	52.0	70.5	64.0	46.8	66.2	77.8	120.4	133.3	207.2	176.0	336.1	313.5
AT5G50950.2	FUM2 - FUMARASE 2	54	149.9	161.2	218.4	90.9	102.5	120.2	53.8	120.2	61.2	46.2	8.2	0.0
AT3G63490.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	38	177.8	187.3	196.3	115.0	141.5	110.3	38.4	115.1	24.1	3.9	3.3	0.0
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	47	115.2	107.5	122.7	187.5	206.5	187.2	19.6	66.6	102.0	14.0	0.0	0.0
AT4G31700.1	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	28	141.9	140.2	149.2	129.8	169.3	150.1	1.3	0.0	0.0	70.3	128.5	147.9
AT5G65010.1 (+	ASN2 - asparagine synthetase 2	65	7.2	0.0	18.5	152.0	113.5	113.0	47.6	17.6	0.0	303.9	295.2	248.0
AT5G39740.1 (+	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	34	0.0	0.0	0.0	55.3	76.6	48.8	44.7	48.1	0.0	252.8	526.2	418.9
AT2G21170.1	TIM, PDTPI - triosephosphate isomerase	33	278.7	232.8	223.9	0.0	0.0	0.0	111.4	173.7	115.0	0.0	0.0	0.0
AT2G28190.1	CSD2, CZSOD2 - copper/zinc superoxide dismutase 2	22	240.2	201.5	238.6	17.2	13.6	23.5	62.3	95.8	193.6	0.0	0.0	0.0
AT5G38430.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	20	342.8	359.4	352.8	89.8	0.0	26.7	273.6	552.5	623.3	83.4	0.0	96.7
AT4G15545.1	unknown protein	37	23.1	28.2	37.2	73.7	80.8	93.2	107.4	43.7	136.6	151.5	221.4	274.5
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	103	0.0	0.0	0.0	96.9	78.2	82.4	51.8	26.3	37.0	280.5	345.7	322.2
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	199	0.0	0.0	0.0	90.7	118.9	121.1	34.2	25.1	117.2	225.2	331.0	264.7
AT4G20260.1 (+	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	25	218.7	223.1	214.5	39.0	45.6	51.6	28.6	65.6	140.2	0.0	16.0	0.0
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	36	91.6	102.2	99.3	172.7	248.6	235.5	0.0	0.0	58.6	0.0	0.0	3.6
AT2G18960.1	AHA1, PMA, OST2, HA1 - H(+)-ATPase 1	104	56.4	35.3	54.8	136.7	144.6	109.5	64.4	96.2	83.9	102.0	117.6	153.9
AT1G20020.1	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	41	135.7	139.3	144.8	31.1	14.8	44.3	107.9	182.4	185.3	8.2	12.6	20.2
AT5G39570.1	unknown protein	44	0.0	0.0	0.0	54.6	56.8	57.9	53.4	49.2	109.1	208.0	400.7	356.2
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	37	45.5	40.5	40.9	175.3	180.5	157.3	49.3	63.7	42.7	128.5	60.6	83.3
AT2G24270.1 (+	ALDH11A3 - aldehyde dehydrogenase 11A3	53	194.8	210.3	183.6	0.0	2.1	0.0	121.7	203.9	76.4	0.0	0.0	0.0
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	66	74.6	68.7	59.5	140.6	102.3	116.7	86.0	101.3	33.6	102.5	95.7	95.7
AT1G49760.1 (+	PAB8, PABP8 - poly(A) binding protein 8	73	50.7	78.5	100.4	190.9	164.2	168.0	4.1	35.0	51.3	90.4	77.7	42.5
AT3G53900.1 (+	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	25	87.0	99.0	121.3	180.7	189.5	180.1	0.0	46.6	0.0	32.0	0.0	40.1
AT5G24300.1 (+	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	72	14.8	14.1	16.7	148.1	124.8	106.7	39.9	42.5	30.0	206.6	173.4	255.9
AT2G16600.1	ROC3 - rotamase CYP 3	18	203.6	193.2	198.9	6.8	6.4	0.0	79.9	144.8	131.6	0.0	0.0	0.0
AT4G14880.1 (+	OASA1, OLD3, CYTACS1 - O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A1	34	108.8	118.9	113.0	37.7	49.7	33.4	109.6	229.1	189.6	0.0	0.0	0.0
ATCG00830.1 (+	RPL2.1 - ribosomal protein L2	30	147.3	123.5	151.3	116.1	169.7	118.9	6.7	62.1	0.0	7.8	27.7	15.4
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	76	109.3	97.0	91.9	90.8	91.0	96.7	114.1	130.1	168.9	0.0	0.0	0.0
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	98	22.4	30.8	0.0	123.8	107.3	113.8	37.6	32.7	63.0	204.8	190.0	187.8
AT2G41740.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	108	10.8	12.3	18.6	68.4	44.5	47.0	143.5	130.1	209.7	107.4	146.4	140.9
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	25	142.4	157.7	160.3	39.7	20.8	31.7	61.0	128.4	169.7	31.1	3.8	2.4
AT5G66400.2	RAB18, ATDI8 - Dehydrin family protein	18	4.1	4.3	7.3	84.9	80.9	75.6	161.4	116.0	160.5	140.1	47.1	42.1
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	47	37.0	28.2	33.4	138.1	136.7	114.8	50.2	103.4	46.6	129.4	98.4	101.9
AT2G39800.1 (+	P5CS1, ATP5CS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	78	40.6	31.7	0.0	102.8	102.3	77.8	111.4	54.6	0.0	153.6	135.1	212.8
AT1G01320.1 (+	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	199	0.0	0.0	0.0	111.5	122.0	123.9	32.3	0.0	34.8	191.9	312.9	290.8
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	27	176.2	139.9	126.2	0.0	0.0	0.0	141.4	179.9	93.2	8.0	0.0	0.0
AT1G03630.1 (+	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	44	84.6	103.2	98.4	125.3	143.9	102.2	8.9	78.4	33.6	123.5	97.0	97.5
AT5G16710.1	DHAR3 - dehydroascorbate reductase 1	29	215.1	203.4	230.3	0.0	0.0	0.0	40.5	75.2	124.4	0.0	0.0	0.0
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	62	0.0	0.0	0.0	1.8	9.1	1.8	80.6	0.0	97.1	239.7	383.3	375.1
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	32	0.0	0.0	0.0	171.9	165.3	163.9	45.2	0.0	0.0	164.0	150.6	112.9
AT5G19220.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	58	115.7	105.8	73.3	13.8	12.1	15.4	139.4	169.2	129.2	36.2	58.3	46.8
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	102	0.0	0.0	0.0	152.7	79.6	63.3	18.2	0.0	0.0	235.9	208.7	305.3
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	28	128.7	127.6	148.3	119.0	98.0	109.4	16.8	71.7	30.9	0.0	0.0	0.0
AT2G10940.1 (+	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamil	30	59.4	86.4	84.4	141.0	170.5	100.4	23.1	94.9	28.7	28.1	37.8	37.0
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	124	0.0	0.0	0.0	172.9	113.1	117.9	40.0	0.0	0.0	213.1	119.3	170.6
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	29	73.5	94.3	83.5	41.5	50.5	38.9	119.0	133.8	191.5	0.0	0.0	0.0
AT4G33510.1	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	56	0.0	0.0	0.0	118.5	109.2	106.6	7.0	31.9	0.0	172.5	181.3	193.0
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	41	0.0	0.0	0.0	135.1	105.7	126.7	44.0	0.0	0.0	170.9	183.9	210.1
AT4G38740.1	ROC1 - rotamase CYP 1	18	172.7	151.0	182.8	0.0	0.0	0.0	53.2	126.0	174.7	0.0	0.0	0.0
AT3G47070.1	unknown protein	11	128.2	121.6	140.3	68.4	84.8	88.6	19.7	48.0	91.1	0.0	0.0	0.0
AT2G23350.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	72	29.6	28.2	60.3	110.6	145.0	150.0	20.0	78.6	39.6	55.2	70.1	82.4
AT2G36460.1	Aldolase superfamily protein	38	300.5	290.6	336.4	0.0	0.0	0.0	124.4	311.5	267.9	0.0	0.0	0.0
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	69	40.4	57.3	80.8	173.5	188.9	202.4	0.0	32.7	59.7	38.1	14.3	0.0

AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	31	93.4	86.3	105.0	109.1	150.9	132.1	0.0	88.5	0.0	8.0	0.0	9.4
AT1G69740.1 (+	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	47	61.5	69.7	73.4	74.2	86.2	67.9	98.2	124.8	124.8	0.0	6.4	0.0
AT1G32990.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	23	112.1	120.8	128.8	72.8	69.2	92.2	25.4	50.9	72.6	24.1	0.0	12.8
AT5G43940.1	HOT5, ADH2, GSNOR, ATGSNOR1, PAR2 - GroES-like zinc-binding dehydrogenas	41	144.1	163.6	139.8	0.0	0.0	0.0	79.1	187.8	67.8	0.0	0.0	0.0
AT1G12900.1 (+	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	43	314.4	278.0	318.9	101.8	130.4	104.0	311.4	323.0	230.1	0.0	0.0	0.0
AT2G43750.1 (+	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	42	145.2	112.7	86.2	0.0	0.0	0.0	110.4	212.7	112.3	0.0	0.0	0.0
AT5G66190.1	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	40	31.4	40.7	45.4	95.5	82.8	79.6	88.7	63.3	122.0	45.3	75.7	83.9
AT4G08390.1 (+	SAPX - stromal ascorbate peroxidase	40	184.5	186.5	208.6	0.0	0.0	0.0	23.1	61.5	119.8	0.0	0.0	0.0
AT3G24430.1	HCF101 - ATP binding	58	0.0	0.0	0.0	146.9	137.8	132.9	0.0	0.0	0.0	192.5	146.1	125.5
AT2G44060.1 (+	Late embryogenesis abundant protein, group 2	36	1.9	2.7	3.8	45.8	25.6	29.0	177.5	26.1	46.5	162.0	144.6	167.1
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	32	0.0	0.0	0.0	127.5	136.8	90.8	46.1	19.4	42.8	145.8	111.5	54.4
AT2G18020.1	EMB2296 - Ribosomal protein L2 family	28	106.1	75.8	88.2	132.2	145.2	117.1	3.4	33.4	0.0	0.0	10.8	7.2
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	66	180.0	163.1	137.4	0.0	0.0	0.0	112.9	69.9	68.2	0.0	0.0	0.0
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	35	57.0	56.5	76.1	9.6	8.0	0.0	123.0	43.8	68.4	86.5	152.8	179.5
AT1G50480.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	68	170.3	167.4	149.5	0.0	0.0	0.0	61.6	189.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G12290.1	Amino acid dehydrogenase family protein	32	172.2	177.9	185.8	0.0	0.0	0.0	22.3	152.9	57.4	0.0	0.0	0.0
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	42	141.9	133.0	82.4	20.8	0.0	0.0	187.9	62.1	63.2	0.0	0.0	0.0
AT2G24200.1 (+	Cytosol aminopeptidase family protein	55	100.9	89.1	58.6	0.0	0.0	0.0	131.1	213.8	177.2	0.0	0.0	0.0
AT3G17390.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	43	141.0	127.8	116.2	46.9	38.0	29.8	99.3	83.8	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	73	18.4	16.7	15.8	112.9	98.2	119.3	18.8	30.6	20.4	145.2	104.7	144.5
AT2G39460.1 (+	ATRPL23A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	17	58.5	49.4	65.9	42.6	62.2	72.4	0.0	0.0	0.0	104.2	285.2	188.1
AT2G35370.1	GDCH - glycine decarboxylase complex H	18	160.8	139.7	168.2	11.0	0.0	0.0	46.3	60.6	126.4	0.0	0.0	0.0
AT5G09810.1	ACT7 - actin 7	42	0.0	0.0	0.0	159.5	161.9	159.9	112.0	0.0	44.0	283.1	225.5	262.8
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	50	0.0	0.0	0.0	120.7	77.2	76.0	23.6	0.0	0.0	266.5	113.2	148.3
AT4G37980.1	ELI3-1, ELI3, ATCAD7, CAD7 - elicitor-activated gene 3-1	38	166.2	177.0	169.3	0.0	0.0	0.0	47.7	141.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G51800.1 (+	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	43	78.7	66.0	90.0	0.0	0.0	0.0	160.4	169.5	142.0	0.0	0.0	0.0
AT3G44890.1	RPL9 - ribosomal protein L9	22	142.5	150.7	166.2	61.5	82.9	83.1	0.0	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	33	83.0	92.4	95.3	94.9	97.9	97.4	20.8	37.5	33.2	36.1	6.4	9.3
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	26	0.0	0.0	0.0	167.5	183.2	153.7	25.7	0.0	93.6	41.2	31.5	38.9
AT3G23990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	61	127.6	123.4	127.4	48.4	53.7	66.0	54.6	63.0	50.2	0.0	0.0	0.0
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa su	61	89.7	103.9	120.6	38.2	20.1	43.4	42.5	142.2	56.4	28.1	0.0	9.6
AT5G02240.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	27	174.0	188.5	200.2	0.0	0.0	0.0	13.9	51.9	74.2	0.0	0.0	0.0
AT3G43300.1 (+	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	195	0.0	0.0	0.0	98.9	136.0	115.8	18.4	0.0	9.6	116.7	202.6	150.6
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts	112	0.0	0.0	0.0	108.9	82.6	84.1	35.8	0.0	0.0	190.8	138.6	164.7
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	93	0.0	0.0	0.0	100.3	94.7	95.8	29.8	0.0	0.0	201.2	124.7	167.2
AT2G29630.1 (+	PY, THIC - thiaminC	72	16.5	20.2	29.8	95.1	103.2	88.6	27.2	57.8	43.1	112.5	94.4	78.9
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	50	2.6	24.7	7.4	168.6	220.2	197.1	6.5	0.0	0.0	24.1	0.0	0.0
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	64	46.2	57.3	37.2	24.3	32.3	35.3	117.3	54.6	105.2	68.2	89.8	68.9
AT4G04020.1	FIB - fibrillin	35	0.0	0.0	0.0	178.2	145.8	153.7	8.2	0.0	0.0	82.3	53.8	53.3
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	29	0.0	0.0	0.0	93.4	98.3	106.8	37.2	17.6	71.9	104.4	113.4	138.1
AT3G11630.1	Thioredoxin superfamily protein	29	65.7	56.4	52.0	44.9	20.8	20.8	149.8	50.3	97.0	55.2	28.1	32.2
AT5G45680.1	ATFKBP13, FKBP13 - FK506-binding protein 13	22	157.5	167.5	158.1	0.0	0.0	0.0	8.2	85.3	112.7	0.0	0.0	0.0
AT2G43560.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	24	108.3	103.6	146.0	13.8	0.0	27.2	42.5	74.9	146.3	0.0	0.0	0.0
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	65	30.6	41.4	33.4	102.9	134.2	124.8	0.0	0.0	49.1	43.1	72.6	80.4
AT1G72370.1 (+	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	32	1.9	10.6	12.1	98.4	90.1	85.9	57.4	35.4	29.6	104.4	78.3	85.2
AT1G03130.1	PSAD-2 - photosystem I subunit D-2	22	68.2	52.8	79.8	75.1	98.5	90.4	0.0	74.0	55.1	13.0	42.0	52.3
AT3G48420.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	34	139.8	126.9	132.6	0.0	0.0	0.0	61.1	108.1	79.1	0.0	0.0	0.0
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	41	0.0	0.0	0.0	100.3	113.4	100.2	23.7	0.0	0.0	132.9	102.2	185.7
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	83	0.0	0.0	0.0	39.7	34.0	26.2	0.0	0.0	0.0	204.6	318.5	264.7
AT1G52670.1	Single hybrid motif superfamily protein	30	61.6	82.8	102.2	82.8	144.5	112.9	0.0	9.7	50.3	0.0	0.0	0.0
AT4G18480.1	CHLI1, CH42, CH-42, CHL11, CHLI-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate	46	95.6	104.8	115.0	50.6	36.5	54.2	34.9	26.2	2.2	39.1	38.7	51.8
AT3G44110.1	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	46	0.0	0.0	14.7	63.8	68.1	49.6	99.7	58.5	110.8	58.2	86.5	77.7
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	98	0.0	0.0	0.0	113.2	86.0	68.7	66.5	43.7	52.8	89.4	111.7	58.1
AT3G45780.1 (+	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	112	0.0	0.0	0.0	25.1	39.4	22.6	4.2	0.0	40.5	176.6	244.9	281.0

AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	57	48.0	47.6	38.1	18.1	17.6	14.5	95.9	85.1	72.0	90.4	73.9	97.9
AT3G25920.1	RPL15 - ribosomal protein L15	30	95.3	97.7	99.1	76.0	97.7	83.9	14.0	33.7	31.0	0.0	0.0	0.0
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	45	9.4	1.7	0.0	150.8	131.7	127.2	25.1	0.0	0.0	89.1	35.7	53.1
AT3G09440.1 (+	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	71	49.4	103.1	0.0	230.3	226.5	225.1	313.0	13.5	163.3	263.8	181.2	214.1
AT3G14067.1	Subtilase family protein	82	71.4	56.4	67.6	60.5	60.9	60.3	64.6	74.8	96.6	0.0	0.0	0.0
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	41	94.4	96.6	98.3	36.3	46.5	47.0	37.7	55.1	36.9	21.2	39.5	38.8
AT3G14415.1 (+	Aldolase-type TIM barrel family protein	40	208.8	208.0	151.4	284.2	245.3	239.6	247.7	211.0	0.0	219.5	52.5	54.2
AT3G12490.1	ATCYSB, ATCYS6, CYSB - cystatin B	22	111.8	89.8	106.7	31.1	55.7	37.9	22.3	56.8	101.9	0.0	0.0	0.0
AT2G27030.1 (+	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	17	1.9	0.0	2.8	56.2	39.3	41.6	216.0	50.7	140.9	0.0	21.9	0.0
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	42	112.2	110.9	120.7	0.0	0.0	0.0	61.5	109.9	64.2	0.0	0.0	0.0
AT4G08870.1	Arginase/deacetylase superfamily protein	38	113.6	102.2	108.7	46.7	50.5	51.5	24.5	64.2	34.8	12.1	0.0	0.0
AT1G48850.1	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphat	47	92.5	87.1	97.1	25.9	34.2	26.3	32.8	96.6	119.2	0.0	0.0	0.0
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	34	30.7	14.1	17.7	47.4	38.2	50.7	63.7	119.3	95.6	72.3	59.7	71.7
AT5G20010.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	25	37.0	35.2	38.8	48.4	48.7	49.8	76.8	105.9	70.5	32.2	69.4	51.6
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	68	12.6	9.6	37.2	86.5	91.2	99.3	8.2	53.5	87.4	69.2	72.2	48.0
AT1G79920.1 (+	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	92	57.7	63.4	43.5	0.0	0.0	1.8	210.6	65.6	86.9	0.0	0.0	0.0
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	34	29.6	33.6	43.8	0.0	17.6	28.2	96.3	128.5	224.8	20.1	0.0	0.0
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	45	91.3	68.7	75.1	0.0	0.0	0.0	101.4	163.3	118.1	0.0	0.0	0.0
AT2G17360.1 (+	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	30	79.5	69.5	62.2	113.2	116.9	110.4	8.2	0.0	0.0	22.0	0.0	0.0
AT1G05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	25	123.1	112.7	102.9	65.5	54.8	61.5	0.0	84.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G61260.1	Remorin family protein	23	35.2	24.7	37.2	69.0	54.6	75.1	21.0	48.1	67.0	72.4	124.3	68.2
AT5G20290.1	Ribosomal protein S8e family protein	25	88.1	93.4	69.6	102.0	131.6	105.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	56	0.0	1.9	0.0	67.5	78.5	72.4	55.2	48.0	139.6	55.7	95.3	58.9
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	29	59.0	57.2	56.5	87.3	99.1	76.9	5.5	41.4	38.4	38.2	13.8	45.3
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	47	0.0	11.5	26.9	17.3	49.7	49.8	67.4	65.5	192.8	50.3	69.2	82.2
ATCG00800.1	structural constituent of ribosome	25	17.9	1.9	14.7	78.0	70.3	63.2	39.3	40.9	0.0	92.4	94.5	108.4
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	63	46.4	29.1	28.9	86.6	57.9	95.9	61.5	146.1	0.0	15.9	0.0	13.0
AT5G37510.1	EMB1467, CI76 - NADH-ubiquinone dehydrogenase, mitochondrial, putative	81	20.0	24.6	14.9	77.8	103.1	90.4	18.8	30.4	14.3	109.5	73.9	77.8
AT1G65930.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	46	99.4	102.2	82.8	0.0	0.0	0.0	94.1	122.1	84.7	0.0	0.0	0.0
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope m	161	0.0	0.0	0.0	43.1	44.6	39.8	0.0	0.0	0.0	180.6	380.7	101.3
AT2G47110.1 (+	UBQ6 - ubiquitin 6	18	90.3	80.3	93.5	78.6	74.1	64.2	11.2	0.0	31.2	37.2	0.0	0.0
AT3G63540.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	16	113.3	106.6	122.5	0.0	0.0	19.9	26.5	77.6	126.9	0.0	0.0	0.0
AT5G28500.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; INVOLVED IN:	48	0.0	0.0	0.0	41.5	25.6	38.8	87.0	0.0	25.2	127.5	105.0	253.5
AT4G34870.1	ROC5, ATCYP1 - rotamase cyclophilin 5	18	109.8	113.2	135.0	0.0	12.1	28.9	38.2	82.1	101.5	0.0	0.0	0.0
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	53	0.0	77.6	65.8	171.0	118.0	111.1	190.4	140.0	117.2	189.6	172.8	226.8
AT4G21210.1	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	44	0.0	0.0	0.0	116.5	145.2	109.3	23.0	32.5	11.9	72.2	3.8	67.0
AT1G03600.1	PSB27 - photosystem II family protein	19	119.1	128.6	132.7	13.8	10.5	33.4	21.7	28.2	77.7	0.0	0.0	0.0
AT3G02090.1	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	59	22.4	22.0	0.0	100.2	114.0	121.2	21.0	2.3	0.0	78.1	57.9	39.0
AT3G49010.1 (+	ATBBC1, BBC1, RSU2 - breast basic conserved 1	24	70.6	76.6	72.5	90.8	123.2	101.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G38540.1	LP1, LTP1, ATLTP1 - lipid transfer protein 1	12	99.3	91.6	99.5	0.0	9.0	20.8	23.0	94.1	104.5	0.0	0.0	0.0
AT1G69830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	100	0.0	0.0	0.0	57.8	49.7	38.0	120.9	32.4	42.8	98.5	64.7	68.3
AT5G49910.1	CPHSC70-2EAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat sh	77	204.8	209.6	218.1	285.0	328.7	335.4	155.5	123.7	197.3	0.0	0.0	0.0
AT5G10470.1	KCA1, KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	141	0.0	0.0	0.0	83.9	102.5	86.8	0.0	0.0	0.0	130.4	138.5	110.9
AT5G63400.1	ADK1 - adenylate kinase 1	27	42.4	51.1	69.5	73.7	70.9	96.8	0.0	42.8	76.8	12.3	27.5	9.5
AT1G01790.1	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	128	0.0	0.0	0.0	84.5	112.1	90.4	38.5	0.0	26.3	59.1	113.7	92.8
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	37	54.8	57.2	73.4	100.3	98.6	105.8	0.0	56.9	0.0	39.1	8.1	20.1
AT4G21860.1 (+	MSRB2 - methionine sulfoxide reductase B 2	22	99.3	94.3	98.4	33.5	43.6	50.6	14.0	19.6	94.6	0.0	0.0	0.0
AT1G70600.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	16	59.0	71.4	74.2	70.8	89.3	85.9	0.0	0.0	0.0	36.2	58.0	40.0
AT1G57720.1 (+	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	46	22.4	38.8	27.8	24.3	0.0	10.9	108.3	84.0	81.2	41.2	57.9	63.3
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	32	14.8	14.1	11.1	77.4	89.9	75.1	5.5	42.2	10.6	89.1	85.7	112.4
AT3G49120.1	ATPERX34, PERX34, PRXCB, ATPCB, PRX34 - peroxidase CB	39	75.3	95.2	104.8	0.0	0.0	0.0	44.6	120.2	126.6	0.0	0.0	0.0
AT3G19170.1	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	121	17.7	17.6	18.5	0.0	0.0	0.0	270.2	52.5	106.5	0.0	0.0	0.0
AT5G48880.2 (+	PKT2, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	48	87.2	91.6	90.8	48.1	46.6	33.5	35.7	91.6	51.3	40.4	7.6	15.4
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase ii	152	83.9	79.3	74.3	0.0	0.0	0.0	156.5	65.6	35.8	0.0	0.0	0.0

AT3G62870.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	29	47.2	44.9	49.2	115.0	135.4	114.8	0.0	17.6	0.0	8.0	0.0	0.0
AT1G09130.1 (+	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	36	16.5	8.7	9.2	69.6	80.5	74.0	27.2	9.0	10.7	90.2	110.9	83.9
AT3G53430.1	Ribosomal protein L11 family protein	18	66.6	72.3	70.6	60.7	69.8	68.7	16.8	39.3	39.6	14.0	0.0	0.0
AT1G07140.1	SIRANBP - Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	26	18.4	41.4	38.0	0.0	0.0	0.0	139.0	76.0	233.1	0.0	0.0	0.0
AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	30	6.2	32.5	25.0	88.3	107.6	113.1	15.4	5.5	99.3	36.2	0.0	6.0
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	33	15.7	0.0	14.9	80.4	85.5	93.0	11.2	21.6	19.2	90.0	74.8	83.0
AT1G70730.1 (+	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	63	4.9	32.6	15.6	0.0	0.0	1.8	143.6	129.7	83.8	0.0	0.0	4.8
AT1G78630.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	27	88.7	88.0	87.1	83.0	82.7	85.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09310.1	Protein of unknown function, DUF538	20	59.0	71.4	69.4	0.0	0.0	0.0	38.4	131.8	200.7	0.0	0.0	0.0
AT5G02870.1 (+	Ribosomal protein L4/L1 family	45	26.5	20.3	15.9	118.4	113.9	105.7	0.0	101.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	29	72.8	63.3	78.6	73.7	86.0	95.0	0.0	49.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G62410.1	CP12-2, CP12 - CP12 domain-containing protein 2	14	93.7	107.6	111.8	3.6	4.1	19.9	40.0	46.0	87.4	0.0	0.0	0.0
AT3G17240.1 (+	mtLPD2 - lipoamide dehydrogenase 2	54	230.3	207.6	276.9	0.0	0.0	0.0	103.2	301.9	77.7	0.0	0.0	0.0
AT5G61410.1 (+	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	30	50.9	75.6	61.2	19.9	21.9	11.7	52.6	76.5	50.3	49.2	39.4	47.1
AT3G56340.1	Ribosomal protein S26e family protein	15	37.0	32.6	33.4	78.2	92.1	57.9	24.6	46.9	8.2	28.1	71.0	59.9
AT1G07890.1 (+	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	28	102.4	109.4	114.1	0.0	0.0	0.0	70.6	80.4	71.7	9.0	0.0	0.0
AT3G20390.1	endoribonuclease L-PSP family protein	20	81.7	88.8	116.0	0.0	0.0	0.0	39.8	97.2	113.7	0.0	0.0	0.0
AT3G15190.1	chloroplast 30S ribosomal protein S20, putative	22	60.7	64.2	81.5	95.0	111.3	98.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G20200.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	56	0.0	0.0	0.0	66.7	75.8	61.5	25.8	4.2	9.5	99.6	127.4	134.0
AT5G65220.1	Ribosomal L29 family protein	19	100.0	81.0	81.6	76.2	80.2	71.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G61790.1	CNX1, ATCNX1 - calnexin 1	60	0.0	0.0	0.0	45.6	45.4	33.5	47.4	0.0	0.0	116.5	185.8	165.2
AT3G61440.1	ATCYSC1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	40	69.8	57.3	54.7	0.0	0.0	0.0	44.8	150.3	120.6	0.0	14.1	0.0
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	31	0.0	0.0	0.0	64.0	71.1	67.8	9.3	17.5	0.0	110.4	116.7	144.0
AT1G67430.1	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	20	65.4	83.7	102.1	43.9	47.6	53.3	7.0	40.3	7.1	8.0	12.6	12.8
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	26	31.2	36.9	40.9	58.8	60.9	74.1	28.0	66.1	116.4	0.0	0.0	0.0
AT2G17265.1	HSK, DMR1 - homoserine kinase	39	113.9	111.9	135.6	0.0	0.0	0.0	12.6	121.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G35170.1	adenylate kinase family protein	66	11.7	21.2	8.3	78.6	58.9	57.0	30.9	37.2	0.0	84.4	65.4	92.3
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily pro	28	0.0	0.0	12.9	3.5	18.6	8.9	77.7	105.6	158.0	34.0	65.5	49.3
AT5G67500.1 (+	VDAC2, ATVDAC2 - voltage dependent anion channel 2	30	61.3	63.5	72.5	58.8	49.7	54.3	0.0	48.1	0.0	33.2	45.8	25.8
AT5G46800.1	BOU - Mitochondrial substrate carrier family protein	31	0.0	0.0	0.0	55.3	48.8	65.1	0.0	30.4	0.0	137.7	113.3	129.5
AT1G22780.1 (+	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	18	78.1	65.3	73.3	81.2	77.7	80.6	0.0	6.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	66	0.0	0.0	0.0	7.0	24.8	21.7	19.6	17.5	28.7	119.6	217.9	211.7
AT4G31990.1 (+	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	50	89.7	87.3	58.5	0.0	0.0	0.0	79.1	115.4	43.1	0.0	0.0	0.0
AT4G17090.1	CT-BMY, BAM3, BMY8 - chloroplast beta-amylase	61	14.8	22.1	31.7	46.8	52.8	57.0	29.9	28.5	9.5	85.4	90.3	85.6
AT3G05530.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	47	1.7	9.7	11.2	127.1	95.7	101.2	18.0	0.0	0.0	60.0	41.6	25.6
AT2G05710.1	ACO3 - aconitase 3	108	112.5	113.7	54.8	0.0	0.0	0.0	67.0	82.1	47.9	0.0	0.0	0.0
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	35	329.6	300.6	323.3	150.6	155.7	178.2	102.3	156.3	294.7	0.0	0.0	0.0
AT5G08300.1	Succinyl-CoA ligase, alpha subunit	36	68.9	60.5	71.3	0.0	0.0	0.0	57.7	110.5	105.6	0.0	0.0	0.0
AT2G04030.1	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family	89	0.0	0.0	0.0	69.0	11.3	10.9	177.4	9.8	37.1	53.3	13.1	36.9
AT5G25980.2	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	63	28.1	39.5	4.7	0.0	0.0	0.0	234.7	55.8	86.1	0.0	0.0	0.0
AT2G45960.3 (+	PIP1B, TMP-A, ATHH2, PIP1;2 - plasma membrane intrinsic protein 1B	32	0.0	0.0	0.0	105.2	137.9	60.5	69.5	0.0	0.0	43.1	0.0	45.6
AT1G75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	16	64.0	85.2	77.6	60.0	85.3	87.6	0.0	3.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G52150.1 (+	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	28	102.8	113.6	142.5	0.0	0.0	0.0	19.6	35.8	65.7	0.0	0.0	0.0
AT3G63190.1	RRF, HFP108, cpRRF, AtcpRRF - ribosome recycling factor, chloroplast precurso	30	85.6	118.9	119.9	10.2	16.6	10.8	16.8	36.1	50.3	0.0	0.0	0.0
AT1G65980.1	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	17	97.1	87.1	88.0	0.0	0.0	0.0	31.6	72.7	120.6	0.0	0.0	0.0
AT5G56030.1 (+	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	80	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	185.3	0.0	0.0	79.4	92.7	104.3
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	43	0.0	0.0	0.0	49.2	78.4	61.4	7.5	9.8	0.0	101.3	87.4	119.4
AT2G27530.1 (+	PGY1 - Ribosomal protein L1p/L10e family	24	45.2	51.0	61.0	72.0	77.6	56.1	1.3	85.6	0.0	0.0	2.6	6.0
AT2G36160.1	Ribosomal protein S11 family protein	16	63.5	56.4	57.4	65.8	80.3	82.2	0.0	46.3	9.5	0.0	0.0	0.0
AT2G21870.1	MGP1 - copper ion binding;cobalt ion binding;zinc ion binding	28	33.9	24.6	37.2	92.2	117.4	114.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	51	13.8	22.9	19.5	59.8	50.7	44.3	47.6	17.5	21.6	84.4	60.0	66.2
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	25	62.6	53.6	70.3	38.1	50.3	55.0	11.2	71.5	19.1	24.1	0.0	0.0
AT4G19410.1	Pectinacetylesterase family protein	42	92.9	90.0	101.2	0.0	0.0	0.0	25.9	127.5	31.1	0.0	0.0	0.0
AT4G25130.1	PMSR4 - peptide met sulfoxide reductase 4	29	82.7	73.1	82.5	8.8	8.5	7.2	26.0	38.3	68.3	12.0	25.2	12.8

AT2G47470.1	ATPDIL2-1, UNE5, MEE30, PDI11, ATPDI11 - thioredoxin family protein	39	75.7	78.5	96.7	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	9.5	64.3	85.2	72.8
AT1G12250.1 (+	Pentapeptide repeat-containing protein	30	87.6	60.8	63.2	41.5	45.4	53.4	5.5	26.2	85.0	0.0	0.0	0.0
AT3G52880.1	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	46	52.8	46.7	33.5	0.0	0.0	0.0	102.6	85.0	123.2	0.0	0.0	0.0
AT3G52300.1	ATPQ - ATP synthase D chain, mitochondrial	20	25.8	38.8	48.3	104.6	116.8	111.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G09510.1	Ribosomal protein S19 family protein	17	56.1	53.7	63.2	81.9	108.5	88.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	20	48.4	49.4	44.6	43.2	33.1	36.2	32.1	35.9	94.4	16.1	37.8	0.0
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	54	0.0	0.0	2.0	139.1	121.3	117.6	0.0	0.0	0.0	29.1	31.3	12.8
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	13	44.9	60.1	76.3	32.1	39.5	29.0	44.9	46.1	77.9	0.0	0.0	0.0
AT1G34220.1 (+	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	73	0.0	0.0	0.0	24.2	30.0	28.9	39.9	0.0	94.4	116.5	115.2	105.5
AT2G30970.1 (+	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	48	119.9	116.3	121.7	0.0	0.0	0.0	11.4	63.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G04400.2 (+	emb2171 - Ribosomal protein L14p/L23e family protein	13	38.4	54.5	59.3	58.5	94.8	89.6	0.0	28.1	7.1	0.0	0.0	0.0
AT3G47650.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	15	50.9	44.0	40.7	60.4	47.6	65.9	25.9	43.8	53.9	0.0	0.0	0.0
AT4G35450.1 (+	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	37	17.7	44.1	22.3	50.3	68.5	51.7	64.6	28.5	107.6	28.3	42.1	5.9
AT4G18440.1	L-Aspartase-like family protein	60	57.4	52.9	53.8	0.0	0.0	0.0	68.6	103.5	83.6	0.0	0.0	0.0
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	48	0.0	8.0	0.0	97.9	88.7	95.8	4.1	20.8	7.1	44.2	50.9	43.0
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	32	0.0	1.8	2.8	68.2	65.9	95.9	0.0	5.7	2.5	91.6	51.9	95.4
AT3G02540.1 (+	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	44	14.8	17.6	26.0	116.8	119.0	102.2	0.0	17.5	28.7	0.0	0.0	0.0
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	63	19.6	34.3	16.7	0.0	0.0	20.8	124.8	156.1	84.9	0.0	0.0	0.0
AT4G00100.1	ATRPS13A, RPS13, PFL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	17	36.8	35.3	36.3	88.8	109.9	92.3	0.0	0.0	0.0	16.1	25.2	0.0
AT3G03250.1	UGP, UGP1, AtUGP1 - UDP-GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1	52	36.9	38.8	34.4	0.0	0.0	0.0	79.0	220.7	44.1	0.0	0.0	0.0
AT3G57610.1	ADSS - adenylosuccinate synthase	53	84.0	89.0	85.4	0.0	0.0	0.0	42.6	95.1	46.7	0.0	0.0	0.0
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	13	45.2	69.5	65.9	76.2	82.8	85.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G15090.1 (+	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	29	81.2	88.2	80.7	94.3	122.5	113.0	0.0	61.2	0.0	37.2	0.0	0.0
AT1G02780.1	emb2386 - Ribosomal protein L19e family protein	25	48.0	49.4	52.0	80.3	69.4	85.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.2	32.9
AT5G54430.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily pro	26	38.0	42.3	44.7	40.7	54.9	78.8	32.2	72.0	23.8	5.9	45.8	3.6
AT5G19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	24	43.2	33.5	26.0	17.2	24.8	21.7	88.9	83.0	97.2	0.0	0.0	0.0
AT3G08590.1 (+	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	61	79.3	95.2	39.9	0.0	0.0	0.0	83.0	93.8	14.1	0.0	0.0	0.0
AT4G03520.1	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	20	49.4	39.6	65.7	39.6	44.9	44.2	23.9	28.2	89.5	0.0	0.0	0.0
AT4G16143.1 (+	IMPA-2 - importin alpha isoform 2	59	0.0	0.0	0.0	107.9	74.1	66.9	0.0	0.0	9.6	76.4	48.2	93.3
AT4G30920.1	Cytosol aminopeptidase family protein	61	80.4	86.3	79.9	0.0	0.0	0.0	62.7	176.0	62.0	0.0	0.0	0.0
AT2G36250.1 (+	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	51	0.0	0.0	0.0	91.5	81.6	73.2	0.0	0.0	0.0	66.2	44.5	94.7
AT3G63460.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	120	0.0	0.0	0.0	65.7	49.4	47.0	18.1	17.5	19.2	101.5	76.9	112.8
AT1G79340.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	45	16.1	18.4	12.3	38.0	54.5	53.3	60.4	26.2	46.6	31.1	31.2	46.5
AT3G05590.1	RPL18 - ribosomal protein L18	21	40.0	37.0	48.3	103.9	102.7	92.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	37	0.0	24.5	26.0	84.6	104.4	80.5	28.7	26.2	47.9	20.1	56.7	38.8
AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamm	98	0.0	0.0	0.0	59.9	62.8	61.5	22.1	0.0	0.0	81.6	108.4	113.9
AT2G26080.1	AtGLDP2, GLDP2 - glycine decarboxylase P-protein 2	114	299.2	291.3	185.4	0.0	0.0	0.0	292.4	177.2	133.6	0.0	0.0	0.0
AT1G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	34	0.0	0.0	0.0	116.2	80.3	104.9	0.0	0.0	0.0	85.2	26.5	4.8
AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	23	62.8	50.2	48.3	31.1	45.6	36.2	0.0	26.2	0.0	95.4	50.4	0.0
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	106	26.0	22.8	22.3	24.6	33.2	7.2	97.2	100.6	126.0	12.1	0.0	0.0
AT4G24190.2 (+	SHD, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	94	0.0	0.0	0.0	38.1	20.6	19.9	0.0	0.0	0.0	181.1	142.1	167.8
AT3G22890.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	51	64.7	75.6	53.7	20.0	20.7	23.5	48.0	66.1	21.2	0.0	0.0	0.0
AT1G32470.1	Single hybrid motif superfamily protein	18	122.8	124.8	134.0	0.0	0.0	0.0	41.9	46.9	127.7	0.0	0.0	0.0
AT5G51970.1 (+	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	39	88.1	133.1	110.3	0.0	0.0	0.0	36.3	13.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	29	64.4	67.0	60.5	0.0	0.0	0.0	28.6	75.5	86.2	0.0	12.6	0.0
AT5G67360.1	ARA12 - Subtilase family protein	79	55.9	57.3	84.6	0.0	0.0	0.0	23.7	113.3	79.2	0.0	0.0	0.0
AT1G26630.1	FBR12, ATELF5A-2, ELF5A-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5/	17	88.2	69.0	69.9	0.0	0.0	0.0	91.0	34.1	26.3	0.0	0.0	0.0
AT4G26910.1 (+	Dihydrolipoamide succinyltransferase	50	29.6	21.2	8.3	137.5	162.3	169.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G07110.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	83	0.0	0.0	0.0	66.4	71.6	68.8	0.0	0.0	0.0	118.7	91.8	59.2
AT3G13300.1 (+	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	146	0.0	0.0	0.0	79.5	53.1	69.6	0.0	0.0	10.7	97.4	82.3	77.4
AT1G63940.2 (+	MDAR6 - monodehydroascorbate reductase 6	53	65.3	66.2	38.1	0.0	0.0	0.0	82.1	103.8	38.3	0.0	0.0	0.0
AT3G20820.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	40	30.5	35.3	37.2	80.5	52.8	58.8	5.5	32.7	0.0	40.2	5.9	0.0
AT3G05420.2	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	73	0.0	0.0	0.0	34.6	37.1	43.4	17.5	0.0	2.2	94.3	138.2	156.0
AT1G43170.1 (+	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	45	8.8	8.9	0.0	88.9	135.2	93.0	1.3	0.0	0.0	28.1	7.6	6.0

AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	24	49.9	49.3	62.3	0.0	0.0	0.0	40.5	150.7	62.3	0.0	0.0	0.0
AT4G37300.1	MEE59 - maternal effect embryo arrest 59	19	59.1	49.2	67.8	12.6	34.3	33.4	32.3	16.4	105.4	0.0	0.0	0.0
AT5G54600.1	Translation protein SH3-like family protein	22	82.6	74.9	78.8	37.9	55.0	36.2	0.0	23.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G50970.1	LTI30, XERO2 - dehydrin family protein	21	6.4	0.0	6.3	134.4	141.1	102.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G09820.2	ADK1 - adenosine kinase 1	33	57.9	58.1	59.5	0.0	0.0	0.0	81.2	69.9	58.7	0.0	0.0	0.0
AT3G15690.2	Single hybrid motif superfamily protein	28	48.5	56.5	71.7	59.6	46.6	46.0	0.0	29.6	43.2	0.0	0.0	0.0
AT3G27830.1 (+	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	20	32.4	29.1	38.1	43.2	50.8	56.9	19.7	36.1	57.4	28.1	12.6	0.0
AT5G35100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	31	52.5	40.5	63.2	50.3	58.4	54.3	14.0	21.8	9.5	21.1	12.6	0.0
AT2G31670.1	Stress responsive alpha-beta barrel domain protein	29	115.3	97.6	124.2	0.0	0.0	0.0	11.0	15.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G56340.1	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	175.3	192.6	164.1
AT2G19940.1 (+	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP	44	93.1	131.3	107.7	0.0	0.0	0.0	5.5	43.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-l-glutamate kinase	37	33.6	26.5	53.8	57.9	63.0	67.9	12.0	53.6	23.9	0.0	0.0	0.0
AT5G40370.1	Glutaredoxin family protein	12	86.9	82.0	81.9	0.0	0.0	0.0	27.9	48.1	68.3	0.0	0.0	0.0
AT5G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	28	59.6	53.8	84.5	43.1	23.7	41.5	0.0	42.4	58.5	0.0	0.0	0.0
AT2G44920.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	24	103.6	74.8	96.5	0.0	0.0	0.0	28.1	33.8	56.2	0.0	0.0	0.0
AT1G73230.1	Nascent polypeptide-associated complex NAC	18	20.2	8.8	23.2	0.0	0.0	0.0	87.3	89.4	179.5	0.0	0.0	0.0
ATCG00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	14	0.0	0.0	1.9	42.4	53.5	52.4	0.0	30.6	33.6	60.3	83.7	87.3
AT5G40950.1	RPL27 - ribosomal protein large subunit 27	22	70.3	68.7	63.2	53.5	74.5	57.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19990.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	47	31.3	46.6	62.1	76.6	56.8	57.0	0.0	42.4	4.4	11.1	0.0	0.0
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	21	50.6	55.4	58.4	17.2	23.8	32.6	29.3	26.2	89.5	0.0	0.0	0.0
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	14	62.9	59.0	54.6	45.0	47.3	32.6	5.7	51.1	35.9	0.0	0.0	0.0
AT2G32060.1 (+	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	15	45.3	42.3	44.6	48.4	49.7	39.8	45.0	43.7	70.6	0.0	0.0	0.0
AT1G48350.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	19	50.5	47.6	64.2	58.7	66.2	68.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G09650.1	AtPPa6, PPa6 - pyrophosphorylase 6	33	47.9	76.7	79.8	0.0	0.0	0.0	65.2	76.3	14.4	0.0	0.0	0.0
AT3G54400.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	45	84.9	66.0	95.6	0.0	0.0	0.0	1.4	80.6	74.1	0.0	0.0	0.0
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	24	39.1	27.2	37.2	66.8	45.6	67.8	0.0	25.1	19.1	30.1	0.0	26.9
AT5G54810.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	51	11.1	0.0	0.0	74.1	63.3	71.3	16.9	0.0	0.0	49.0	52.1	77.4
AT5G57290.3	60S acidic ribosomal protein family	12	0.0	0.0	0.0	6.8	4.0	14.5	50.6	21.8	84.2	87.5	84.6	91.9
AT4G11600.1	ATGPX6, PHGPX, LSC803, GPX6 - glutathione peroxidase 6	26	53.6	63.4	60.4	0.0	0.0	0.0	25.2	73.2	131.9	0.0	0.0	0.0
AT1G79850.1	RPS17, CS17, PRPS17 - ribosomal protein S17	16	51.6	47.7	52.0	61.5	70.2	83.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	18	93.5	88.8	91.5	0.0	0.0	0.0	3.3	27.3	70.2	0.0	0.0	0.0
AT4G11010.1	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	26	52.6	68.7	72.2	38.0	16.6	28.9	12.6	50.2	47.9	0.0	0.0	0.0
AT5G15200.1	Ribosomal protein S4	23	0.0	0.0	0.0	79.6	83.4	70.6	5.5	0.0	0.0	47.1	71.1	61.6
AT5G09590.1	MTHSC70-2, HSC70-5 - mitochondrial HSO70 2	73	33.1	45.0	33.4	52.8	71.8	68.7	13.0	55.3	83.4	0.0	0.0	0.0
AT1G29350.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	91	0.0	0.0	0.0	3.5	0.0	1.8	17.5	0.0	28.7	128.4	175.8	130.3
AT3G14310.1	ATPME3, PME3 - pectin methylesterase 3	64	71.6	80.0	77.1	0.0	0.0	0.0	22.4	69.8	70.7	0.0	0.0	0.0
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	58	5.8	32.5	15.9	34.5	29.6	33.5	46.7	143.1	8.6	0.0	0.0	0.0
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e family protein	22	74.6	87.1	97.3	36.1	28.1	34.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G06050.1	PRXIIF, ATPRXIIF - peroxiredoxin IIF	21	85.9	93.5	107.6	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	70.6	0.0	0.0	0.0
AT2G42130.1 (+	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	30	0.0	0.0	0.0	47.5	48.6	39.8	26.6	10.7	0.0	80.3	97.0	67.1
AT2G42530.1	COR15B - cold regulated 15b	15	88.8	95.2	74.5	31.1	16.6	28.0	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT2G43090.1	Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase protein	27	67.2	92.6	94.7	0.0	0.0	0.0	13.3	27.4	86.1	0.0	0.0	0.0
AT1G45000.1	AAA-type ATPase family protein	45	22.4	19.4	18.5	63.1	45.6	48.9	11.2	21.9	9.6	67.2	26.8	52.7
AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	17	19.1	23.7	26.9	62.2	87.8	78.7	0.0	37.2	13.2	0.0	0.0	0.0
AT5G05010.1 (+	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	58	0.0	0.0	0.0	39.4	40.7	43.3	3.3	3.9	5.5	117.9	71.6	66.9
AT3G11940.1 (+	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	23	20.4	27.4	31.6	64.1	68.5	65.1	13.4	38.4	20.4	2.1	0.0	3.5
AT3G16910.1	AAE7, ACN1 - acyl-activating enzyme 7	63	71.1	74.0	64.9	0.0	0.0	0.0	26.7	72.8	34.8	0.0	0.0	0.0
AT3G11710.1	ATKRS-1 - lysyl-tRNA synthetase 1	71	37.2	42.3	62.1	0.0	0.0	0.0	71.2	81.2	63.2	0.0	0.0	0.0
AT1G14320.1	SAC52, RPL10, RPL10A - Ribosomal protein L16p/L10e family protein	25	25.8	30.8	33.4	45.9	65.1	43.4	8.6	19.6	0.0	39.1	44.0	0.0
AT1G54220.1 (+	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	58	0.0	0.0	0.0	110.1	140.0	118.5	0.0	0.0	13.2	24.1	0.0	0.0
AT1G09590.1 (+	Translation protein SH3-like family protein	19	19.6	42.3	34.3	77.8	82.7	73.1	0.0	6.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G22450.1	COX6B, ATCOX6B2 - cytochrome C oxidase 6B	21	0.0	0.0	0.0	64.0	62.4	86.9	0.0	0.0	0.0	36.2	89.9	71.1
AT1G30230.1 (+	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/r	25	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	135.0	40.6	79.2	21.3	32.5	16.0
AT4G13430.1	IIL1, ATLEUC1 - isopropyl malate isomerase large subunit 1	55	63.8	47.6	49.4	0.0	0.0	0.0	44.8	87.1	57.2	0.0	0.0	0.0

AT2G19730.1 (+	Ribosomal L28e protein family	16	36.1	38.0	46.5	62.3	81.8	74.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	56	0.0	0.0	0.0	19.8	19.9	15.5	46.3	3.3	58.7	98.6	56.7	61.6
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	52	57.8	50.2	33.3	0.0	0.0	0.0	69.9	101.3	21.4	0.0	0.0	0.0
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	76.2	71.9	169.4	17.1	17.8	10.8
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	35	0.0	0.0	0.0	20.8	12.1	0.0	0.0	0.0	0.0	139.5	136.0	159.5
AT2G36880.1 (+	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	42	133.4	92.4	87.5	18.5	0.0	0.0	101.3	113.4	14.3	0.0	0.0	0.0
AT1G15750.1 (+	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	124	0.0	0.0	0.0	77.6	75.7	61.5	0.0	0.0	0.0	87.4	35.3	46.0
AT3G10850.1	GLX2-2, GLY2 - Metallo-hydrolase/oxidoreductase superfamily protein	29	77.0	88.2	94.4	0.0	0.0	0.0	0.0	57.6	6.2	0.0	0.0	0.0
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	96	0.0	0.0	0.0	99.5	58.1	76.9	20.3	0.0	0.0	43.2	4.9	55.3
AT5G04800.1 (+	Ribosomal S17 family protein	16	50.6	39.5	26.9	71.6	69.9	59.7	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G01480.1	CYP38, ATCYP38 - cyclophilin 38	48	80.8	84.5	71.3	0.0	0.0	0.0	28.0	38.1	39.4	0.0	0.0	0.0
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	31	49.7	51.1	60.3	24.2	16.6	14.5	27.9	36.8	63.0	0.0	0.0	0.0
AT1G32200.1 (+	ATS1, ACT1 - phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	50	66.5	78.3	96.6	0.0	0.0	0.0	27.2	30.6	43.1	0.0	0.0	0.0
AT4G09000.1 (+	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	30	0.0	0.0	0.0	29.3	8.0	10.8	90.8	7.6	33.6	46.3	50.4	78.7
AT2G30860.1	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	24	70.6	56.4	44.5	1.8	0.0	0.0	46.8	79.7	21.4	0.0	0.0	0.0
AT1G08420.1 (+	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	109	12.4	12.3	20.4	79.5	66.2	73.3	0.0	0.0	0.0	13.0	20.6	36.1
AT2G20270.1	Thioredoxin superfamily protein	19	55.8	52.9	66.8	0.0	0.0	0.0	25.2	56.8	83.8	0.0	0.0	0.0
AT2G26570.1	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	89	0.0	0.0	0.0	15.0	8.0	43.4	42.7	27.4	129.4	24.1	39.1	39.0
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	79	0.0	0.0	0.0	44.8	4.2	33.5	25.2	0.0	2.5	91.9	70.3	114.7
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	86	0.0	0.0	0.0	84.5	94.0	86.7	2.7	0.0	5.8	37.1	10.0	8.4
AT5G66040.1	STR16 - sulfurtransferase protein 16	13	72.5	72.0	78.7	1.7	0.0	8.1	7.1	14.7	66.7	0.0	0.0	0.0
AT3G48730.1	GSA2 - glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 2	50	29.2	27.2	27.8	0.0	0.0	0.0	106.6	67.7	40.1	0.0	0.0	0.0
AT5G47210.1	Hyaluronan / mRNA binding family	38	45.1	33.8	56.0	49.2	63.3	44.3	0.0	0.0	40.8	0.0	0.0	0.0
ATCG00900.1 (+	RPS7.1, RPS7 - Ribosomal protein S7p/S5e family protein	17	39.5	36.1	44.7	55.3	86.8	70.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G51980.1	Insulinase (Peptidase family M16) protein	54	0.0	0.0	0.0	46.4	28.1	38.0	0.0	11.0	0.0	87.2	62.2	85.0
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	96	0.0	0.0	0.0	67.0	66.4	59.4	5.5	40.5	0.0	51.7	38.1	20.6
AT3G48930.1	EMB1080 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	18	11.9	13.3	9.1	69.2	85.8	64.2	0.0	47.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G01250.1	Ribosomal protein L30/L7 family protein	28	35.2	38.8	34.2	59.7	83.0	73.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	140	0.0	0.0	0.0	12.9	0.0	29.8	0.0	0.0	63.4	79.3	133.9	127.8
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	40	0.0	0.0	0.0	133.1	104.7	94.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G32730.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 sul	109	11.4	0.0	0.0	40.0	45.4	28.1	19.6	22.3	58.3	41.2	59.6	27.3
AT3G02730.1	TRXF1, ATF1 - thioredoxin F-type 1	19	57.6	66.9	59.2	0.0	0.0	0.0	20.3	31.5	50.1	0.0	0.0	0.0
AT3G53990.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	18	34.6	33.4	36.1	46.5	43.1	42.4	0.0	19.4	38.0	28.1	0.0	2.4
AT1G01100.1 (+	60S acidic ribosomal protein family	11	0.0	0.0	0.0	29.6	0.0	24.4	66.7	0.0	46.6	79.3	93.6	12.0
AT5G39830.1 (+	DEGP8, DEG8 - Trypsin family protein with PDZ domain	47	30.6	31.8	33.3	48.4	68.1	55.2	0.0	37.1	29.8	0.0	0.0	0.0
AT2G45820.1	Remorin family protein	21	12.5	8.8	11.2	41.6	47.6	41.7	8.2	13.0	43.1	28.1	53.4	57.5
AT3G58610.1 (+	ketol-acid reductoisomerase	64	26.6	25.6	22.3	13.8	16.6	7.2	94.7	38.1	35.7	3.9	0.0	6.0
AT5G66760.1	SDH1-1 - succinate dehydrogenase 1-1	70	8.6	0.0	0.0	24.3	46.6	43.4	16.1	32.9	0.0	34.1	102.0	82.6
AT2G44650.1	CHL-CPN10, CPN10 - chloroplast chaperonin 10	15	60.2	62.6	69.7	13.8	24.8	18.1	5.5	26.2	52.7	0.0	0.0	0.0
AT1G70410.1 (+	ATBCA4, BCA4, CA4 - beta carbonic anhydrase 4	28	10.5	14.2	11.2	6.8	15.7	0.0	27.1	26.4	19.4	63.3	111.7	73.0
AT3G53110.1	LOS4 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily prote	55	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	172.6	24.6	63.1	11.0	0.0	3.6
AT4G00810.1 (+	60S acidic ribosomal protein family	11	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	13.6	95.6	0.0	29.6	76.3	32.6	13.3
AT4G10300.1	RmlC-like cupins superfamily protein	15	62.1	60.8	61.3	0.0	0.0	0.0	18.2	53.5	79.0	0.0	0.0	0.0
AT3G25530.1	GHBDH, ATGHBDH, GLYR1, GR1 - glyoxylate reductase 1	31	76.5	68.8	55.8	0.0	0.0	0.0	20.9	57.8	44.3	0.0	0.0	0.0
AT3G14930.1 (+	HEME1 - Uroporphyrinogen decarboxylase	46	54.5	52.9	61.3	0.0	0.0	0.0	42.6	73.2	38.2	0.0	0.0	0.0
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	25	0.0	0.0	0.0	72.6	63.0	80.4	0.0	21.9	44.3	27.1	0.0	10.5
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	60	0.0	0.0	0.0	5.8	28.9	30.7	48.1	49.2	114.3	57.1	61.2	24.1
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	64	87.3	66.9	25.0	0.0	0.0	0.0	42.9	51.3	37.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	63	438.2	425.4	451.8	213.4	231.3	241.3	292.2	368.0	350.2	281.9	37.0	327.8
AT1G80380.2 (+	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	51	7.2	14.1	14.9	13.8	8.0	10.8	63.9	21.8	9.5	44.2	64.3	75.9
AT2G17390.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing 2B	37	0.0	0.0	0.0	1.8	18.5	23.6	85.4	4.5	134.3	0.0	36.6	0.0
AT5G14260.1 (+	Rubisco methyltransferase family protein	58	0.0	0.0	0.0	41.5	41.4	42.5	54.4	27.3	27.4	49.2	3.3	13.2
AT1G78830.1	Curculin-like (mannose-binding) lectin family protein	50	34.0	44.1	50.2	0.0	0.0	0.0	21.7	67.7	120.8	0.0	0.0	0.0
AT1G14650.1 (+	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquiti	88	0.0	0.0	0.0	14.6	24.0	26.2	37.1	8.8	55.2	32.1	63.0	112.3

AT5G58140.1 (+	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	102	0.0	7.0	7.5	41.3	46.5	40.7	12.9	19.4	20.4	44.2	35.1	51.7
AT1G50200.1	ALATS, ACD - Alanyl-tRNA synthetase	110	37.7	52.0	16.8	0.0	0.0	0.0	78.6	49.2	64.7	0.0	0.0	0.0
AT3G52200.1	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	69	0.0	0.0	0.0	80.4	90.2	99.4	0.0	8.7	0.0	22.1	0.0	0.0
AT3G48990.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	56	50.8	51.2	50.2	0.0	0.0	0.0	51.1	60.1	45.6	0.0	0.0	0.0
AT2G04700.1	ferredoxin thioredoxin reductase catalytic beta chain family protein	16	65.4	56.2	60.2	0.0	0.0	0.0	17.5	27.1	97.6	0.0	0.0	0.0
ATCG00790.1	RPL16 - ribosomal protein L16	15	33.8	29.9	34.0	63.1	60.4	75.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G39200.1 (+	Ribosomal protein S25 family protein	12	43.9	37.0	60.4	39.9	58.9	66.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G05560.1 (+	Ribosomal L22e protein family	14	26.7	45.8	57.5	24.3	19.5	10.9	22.5	48.0	13.2	0.0	16.4	0.0
AT1G14980.1	CPN10 - chaperonin 10	11	53.3	71.4	84.6	13.8	28.9	29.0	0.0	0.0	28.7	0.0	0.0	0.0
AT4G01800.1 (+	AGY1, AtcpSecA, SECA1 - Albino or Glassy Yellow 1	115	0.0	0.0	0.0	58.8	41.4	31.6	22.4	0.0	0.0	63.3	61.3	77.2
AT2G21660.1	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	17	76.7	58.0	57.4	6.8	16.6	14.5	0.0	28.2	45.3	0.0	0.0	0.0
AT1G23490.1 (+	ATARFA1A, ATARF1, ATARF, ARF1 - ADP-ribosylation factor 1	21	0.0	0.0	0.0	36.1	54.2	50.5	37.6	8.7	33.5	43.8	36.1	7.2
AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	53	0.0	0.0	0.0	19.1	21.8	19.9	49.1	0.0	58.4	48.2	82.4	60.0
AT5G60600.1	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synt	82	42.6	59.1	41.6	0.0	0.0	0.0	76.8	43.7	14.4	0.0	0.0	0.0
AT2G37500.1	arginine biosynthesis protein ArgJ family	49	57.2	69.6	73.2	0.0	0.0	0.0	0.0	20.7	95.6	0.0	0.0	0.0
AT1G02500.1 (+	SAM1, SAM-1, MAT1, AtSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	43	165.5	146.1	144.1	0.0	0.0	0.0	49.1	63.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G21105.1	cytochrome-c oxidases;electron carriers	8	0.0	0.0	0.0	39.3	97.2	128.8	0.0	0.0	0.0	26.7	0.0	0.0
AT5G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGER3, GER3 - germin 3	22	8.5	25.5	12.9	0.0	19.9	23.5	16.1	13.6	65.9	0.0	10.0	0.0
AT1G30120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	44	0.0	0.0	0.0	66.5	68.7	73.3	9.7	0.0	0.0	50.3	12.6	8.4
AT3G53420.1 (+	PIP2A, PIP2, PIP2;1 - plasma membrane intrinsic protein 2A	30	0.0	0.0	0.0	51.2	68.3	40.7	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G47870.1	unknown protein	21	0.0	0.0	0.0	69.2	79.3	61.5	0.0	0.0	9.5	36.2	36.1	38.8
AT2G30930.1	unknown protein	17	23.8	31.7	22.3	39.9	33.1	34.3	0.0	17.5	38.4	7.3	60.1	12.5
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	110	0.0	2.7	11.1	76.9	45.6	51.5	5.5	22.8	0.0	16.1	0.0	0.0
AT4G09320.1	NDPK1 - Nucleoside diphosphate kinase family protein	19	29.8	31.7	28.8	17.4	20.6	21.7	23.1	96.1	39.5	0.0	0.0	0.0
AT1G11720.1 (+	ATSS3, SS3 - starch synthase 3	119	0.0	0.0	0.0	66.4	31.2	31.7	11.4	0.0	0.0	53.2	75.6	80.3
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	46	0.0	0.0	0.0	88.4	61.3	70.5	0.0	0.0	0.0	26.2	12.6	38.8
AT3G07110.1 (+	Ribosomal protein L13 family protein	23	35.2	27.3	30.7	75.0	61.6	59.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	15	0.0	14.1	11.1	64.9	69.0	57.9	0.0	0.0	0.0	28.1	25.2	25.8
AT2G42600.1 (+	ATPPC2, PPC2 - phosphoenolpyruvate carboxylase 2	110	11.6	11.5	0.0	0.0	0.0	0.0	157.0	6.1	31.8	0.0	0.0	0.0
AT3G01390.1 (+	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	12	31.5	32.6	27.9	63.0	43.3	76.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G33040.1	ATP3 - gamma subunit of Mt ATP synthase	35	0.0	0.0	0.0	47.3	32.9	55.2	0.0	0.0	0.0	84.4	6.4	30.6
AT2G03440.1	NRP1, ATNRP1 - nodulin-related protein 1	20	64.1	54.5	69.5	26.6	0.0	18.1	0.0	2.2	23.9	0.0	0.0	0.0
AT4G33680.1	AGD2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	50	75.5	53.7	28.8	0.0	0.0	0.0	48.9	35.7	39.4	0.0	0.0	0.0
AT3G54660.1	GR, EMB2360, ATGR2 - glutathione reductase	61	60.7	53.8	67.7	0.0	0.0	0.0	41.4	45.6	9.6	0.0	0.0	0.0
AT5G62790.1	DXR, PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	52	37.9	46.8	38.1	0.0	0.0	0.0	64.7	54.5	38.3	0.0	0.0	0.0
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	62	0.0	0.0	0.0	59.6	39.4	38.9	62.2	0.0	0.0	13.1	0.0	28.0
AT2G17870.1	ATCSP3, CSP3 - cold shock domain protein 3	30	24.0	21.1	34.3	27.7	34.4	28.9	17.6	0.0	10.7	34.1	32.8	18.3
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	84	44.4	32.6	11.9	45.0	18.3	30.7	0.0	18.6	0.0	37.2	39.4	2.4
AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	49	0.0	0.0	97.7	225.3	964.9	1984.9	0.0	0.0	0.0	2233.2	2156.2	1580.5
AT2G24020.1 (+	Uncharacterised BCR, YbaB family COG0718	20	24.8	22.0	29.7	52.0	62.4	57.0	0.0	0.0	33.6	0.0	0.0	0.0
AT1G74050.1 (+	Ribosomal protein L6 family protein	26	0.0	17.6	26.0	69.9	81.0	70.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19770.1 (+	TUA3 - tubulin alpha-3	50	0.0	0.0	0.0	79.5	92.2	43.5	26.5	0.0	0.0	339.3	405.9	414.4
AT4G14540.1	NF-YB3 - nuclear factor Y, subunit B3	17	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.0	39.4	63.5	41.2	51.7	96.6
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation f	114	0.0	0.0	1.9	45.1	59.0	62.4	8.6	62.2	0.0	3.1	10.2	15.5
AT1G19670.1	ATCLH1, CORI1, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	35	0.0	0.0	0.0	54.2	81.9	60.5	0.0	0.0	0.0	33.1	5.1	51.8
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	66	0.0	0.0	0.0	38.9	37.4	47.0	0.0	0.0	0.0	65.4	68.9	87.1
AT3G55760.1 (+	unknown protein	66	0.0	0.0	0.0	59.7	51.8	66.1	0.0	0.0	0.0	31.1	55.4	22.3
AT3G15640.1 (+	Rubredoxin-like superfamily protein	19	0.0	0.0	14.9	49.1	73.8	58.6	13.9	0.0	18.8	19.0	0.0	0.0
AT3G48000.1	ALDH2B4, ALDH2, ALDH2A - aldehyde dehydrogenase 2B4	59	38.3	59.1	39.9	0.0	0.0	0.0	48.9	51.5	19.4	0.0	0.0	0.0
AT1G16080.1	unknown protein	34	15.6	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	69.5	71.9	101.6	0.0	0.0	0.0
AT5G16840.1 (+	BPA1 - binding partner of acd11 1	27	7.6	14.1	7.5	55.5	59.2	68.7	0.0	17.5	43.1	0.0	0.0	0.0
AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	24	38.2	33.5	37.2	43.9	50.9	39.8	0.0	16.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G33120.1 (+	Ribosomal protein L6 family	22	32.9	44.1	35.3	58.8	47.3	32.6	0.0	13.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G08830.1 (+	CSD1 - copper/zinc superoxide dismutase 1	15	58.9	70.6	81.7	0.0	0.0	0.0	0.0	46.9	63.5	0.0	0.0	0.0

AT1G32220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	32	0.0	0.0	0.0	56.9	17.0	41.5	0.0	0.0	0.0	65.1	33.1	110.1
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	73	24.6	31.7	33.5	39.7	58.5	65.1	5.7	38.0	76.4	0.0	0.0	0.0
AT2G47510.1 (+	FUM1 - fumarase 1	53	158.3	150.5	166.9	0.0	0.0	0.0	0.0	128.2	58.3	0.0	0.0	0.0
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	65	54.2	51.1	70.4	0.0	0.0	0.0	11.2	30.6	57.4	0.0	0.0	0.0
AT5G57870.1	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protei	86	0.0	0.0	22.3	45.8	42.1	24.4	0.0	17.5	0.0	38.1	35.3	48.1
AT3G57890.1 (+	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	63	0.0	0.0	0.0	46.6	41.2	42.5	5.7	0.0	0.0	49.3	42.4	65.0
AT3G03780.1 (+	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	85	200.3	200.2	75.5	0.0	0.0	0.0	247.3	206.8	24.8	0.0	0.0	0.0
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	29	0.0	0.0	0.0	23.2	19.7	29.0	22.4	8.7	35.9	38.2	56.3	60.6
AT5G13120.2 (+	CYP20-2 - cyclophilin 20-2	28	70.3	68.7	63.1	0.0	0.0	0.0	0.0	36.1	14.3	0.0	0.0	0.0
AT5G13450.1	ATP5 - delta subunit of Mt ATP synthase	26	0.0	0.0	0.0	54.5	53.7	54.2	0.0	18.6	21.5	16.1	0.0	12.8
AT1G51100.1	unknown protein	24	18.4	15.0	18.5	32.0	45.4	28.9	8.9	5.7	33.6	12.1	59.7	0.0
AT2G45710.1 (+	Zinc-binding ribosomal protein family protein	9	7.6	0.0	7.5	33.7	37.1	39.8	0.0	44.7	43.1	8.0	0.0	0.0
AT1G58380.1 (+	XW6 - Ribosomal protein S5 family protein	31	96.6	67.4	91.1	106.5	138.7	117.6	0.0	35.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13920.1	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	47	0.0	0.0	0.0	42.3	31.8	14.4	44.6	0.0	2.5	39.9	0.0	80.9
AT5G18100.1	CSD3 - copper/zinc superoxide dismutase 3	17	66.6	57.3	83.5	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	38.3	0.0	0.0	0.0
AT4G29350.1	PFN2, PRO2, PRF2 - profilin 2	14	58.0	58.9	60.9	0.0	0.0	0.0	5.7	27.2	48.7	0.0	0.0	0.0
AT3G23920.1	BAM1, BMY7, TR-BAMY - beta-amylase 1	64	0.0	0.0	0.0	52.9	44.3	42.6	0.0	6.8	0.0	36.2	50.4	33.2
AT3G13235.1 (+	ubiquitin family protein	45	0.0	0.0	0.0	52.0	90.0	76.8	5.7	0.0	9.5	8.0	0.0	0.0
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	68	18.4	14.1	11.1	0.0	0.0	0.0	108.9	34.8	39.4	0.0	0.0	0.0
AT5G61170.1	Ribosomal protein S19e family protein	16	14.8	25.6	25.9	55.2	40.3	55.1	5.5	25.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G53490.1 (+	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	26	18.4	10.6	20.3	6.8	12.8	14.5	35.5	39.2	102.5	0.0	0.0	0.0
AT1G31812.1	ACBP6, ACBP - acyl-CoA-binding protein 6	10	50.8	58.2	67.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	63.4	0.0	0.0	0.0
AT1G15930.1 (+	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	15	0.0	10.6	7.4	33.7	34.1	31.6	14.0	39.3	62.3	10.2	0.0	0.0
AT4G14040.1	EDA38, SBP2 - selenium-binding protein 2	54	37.9	37.0	35.1	0.0	0.0	0.0	43.5	44.6	36.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	161.5	156.4	155.0
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	41	18.4	0.0	18.5	37.1	39.2	38.9	19.6	0.0	0.0	28.1	21.8	0.0
AT1G75690.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	16	14.8	14.1	18.6	42.4	45.6	50.6	0.0	17.5	35.9	10.0	0.0	0.0
AT3G53460.1 (+	CP29 - chloroplast RNA-binding protein 29	36	30.5	46.7	38.0	17.4	16.6	15.3	35.7	17.5	31.0	0.0	0.0	0.0
AT1G65960.2	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	56	1.8	27.3	7.5	0.0	0.0	1.8	80.0	31.6	21.4	8.0	0.0	2.4
AT5G62690.1 (+	TUB2 - tubulin beta chain 2	51	0.0	0.0	0.0	125.2	90.8	74.2	0.0	0.0	0.0	224.3	161.3	162.5
AT1G17650.1	GLYR2, GR2 - glyoxylate reductase 2	38	44.4	49.4	49.2	0.0	0.0	0.0	27.9	51.3	33.5	0.0	0.0	0.0
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GST6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	29	56.3	40.5	32.5	0.0	0.0	0.0	8.2	101.4	64.6	0.0	0.0	0.0
AT1G10760.1	SEX1, SOP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate bir	157	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	146.7	39.4	27.5	0.0	0.0	0.0
AT5G18380.1 (+	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	17	1.9	3.6	4.8	38.9	40.4	60.6	2.9	54.7	4.9	5.2	0.0	3.5
AT5G53460.1 (+	GLT1 - NADH-dependent glutamate synthase 1	242	11.4	22.7	18.5	0.0	0.0	0.0	95.9	54.6	24.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30060.1	Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	24	0.0	0.0	29.7	0.0	0.0	0.0	107.6	62.5	175.4	0.0	0.0	0.0
AT1G12840.1	DET3, ATVHA-C - vacuolar ATP synthase subunit C (VATC) / V-ATPase C subunit	43	11.4	0.0	0.0	66.5	39.7	11.8	22.4	0.0	0.0	32.1	11.9	25.8
AT2G31610.1	Ribosomal protein S3 family protein	28	0.0	0.0	0.0	39.8	66.2	56.9	22.3	30.6	0.0	16.1	0.0	0.0
AT2G21530.1	SMAD/FHA domain-containing protein	23	52.6	60.9	55.7	0.0	0.0	0.0	7.5	0.0	43.1	0.0	0.0	0.0
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	45	0.0	0.0	0.0	59.4	100.6	73.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G11830.1 (+	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	60	22.2	8.8	0.0	18.2	24.6	25.3	28.5	78.7	25.2	0.0	0.0	0.0
AT2G35040.1 (+	AICARFT/IMPCHase bienzyme family protein	65	43.1	36.1	60.4	0.0	0.0	0.0	30.2	71.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G73110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	48	7.6	8.8	0.0	79.7	73.1	67.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G20260.1	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	15	48.9	31.7	42.6	6.2	4.2	8.2	0.0	35.0	38.3	0.0	0.0	0.0
AT4G02450.1 (+	HSP20-like chaperones superfamily protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	90.3	27.3	43.1	21.1	28.5	38.9
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	68.4	144.6	115.0
AT4G03280.2	PETC, PGR1 - photosynthetic electron transfer C	23	22.2	22.1	22.3	24.2	34.2	28.9	0.0	0.0	55.1	22.0	0.0	0.0
AT5G08530.1	CI51 - 51 kDa subunit of complex I	53	0.0	0.0	0.0	39.7	43.3	25.3	0.0	13.2	0.0	57.3	30.1	38.7
AT5G16620.1	PDE120, TIC40, ATTIC40 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	49	18.4	0.0	0.0	45.8	49.9	66.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.2	0.0
ATCG00330.1	RPS14 - chloroplast ribosomal protein S14	12	24.1	26.4	29.6	29.3	36.1	36.9	0.0	0.0	0.0	12.1	22.8	24.3
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	136	0.0	0.0	0.0	25.0	8.5	14.5	0.0	0.0	0.0	71.0	83.0	93.7
AT2G23120.1	Late embryogenesis abundant protein, group 6	8	87.9	70.4	78.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G14720.1 (+	VSR4, VSR2;1, BP80-2;1, MTV4 - vacuolar sorting receptor 4	70	0.0	0.0	0.0	34.5	38.4	37.1	5.5	17.5	26.3	38.1	30.7	34.8
AT5G28060.1	Ribosomal protein S24e family protein	15	33.4	49.4	48.3	32.0	43.5	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT5G22800.1	EMB86, EMB1030, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	108	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	133.3	40.3	24.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56130.1 (+	biotin/lipoyl attachment domain-containing protein	30	0.0	3.5	11.2	68.2	60.4	66.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G53580.1	GLX2-3, ETHE1, GLY3 - glyoxalase II 3	32	61.2	60.8	76.2	0.0	0.0	0.0	0.0	12.3	19.1	0.0	0.0	0.0
AT4G02530.1	chloroplast thylakoid lumen protein	24	25.8	31.7	26.9	22.5	8.0	8.1	26.7	35.0	49.1	0.0	0.0	0.0
AT1G29900.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	130	7.2	23.8	0.0	0.0	0.0	0.0	108.4	32.5	28.8	0.0	0.0	2.4
AT1G47260.1	APFI, GAMMA CA2 - gamma carbonic anhydrase 2	30	30.2	34.3	29.6	37.2	30.0	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G63410.1	APG1, VTE3, IEP37, E37 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferas	38	0.0	0.0	0.0	45.9	50.9	28.0	0.0	0.0	0.0	44.2	43.6	57.0
AT1G17880.1	BTF3, ATBTF3 - basic transcription factor 3	18	37.7	36.1	33.5	0.0	0.0	0.0	47.6	39.0	92.8	0.0	0.0	0.0
AT5G10860.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	23	58.2	68.6	76.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.0	0.0	0.0	0.0
AT2G21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	21	15.1	10.5	14.9	27.7	34.1	29.8	0.0	43.3	38.3	0.0	0.0	0.0
AT1G19570.1 (+	DHAR1, ATDHAR1, DHAR5 - dehydroascorbate reductase	24	49.1	25.6	26.9	0.0	0.0	0.0	41.9	61.1	27.7	0.0	0.0	0.0
AT1G64790.1 (+	ILA - ILITYHIA	285	0.0	0.0	0.0	25.3	16.1	29.9	0.0	0.0	0.0	59.2	86.4	90.6
AT4G28750.1	PSAE-1 - Photosystem I reaction centre subunit IV / PsaE protein	15	33.0	57.3	57.5	18.2	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G31810.1	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	54	0.0	0.0	0.0	63.3	62.2	60.6	0.0	13.2	0.0	8.0	0.0	25.8
AT1G11750.2 (+	CLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	31	0.0	0.0	0.0	39.4	42.1	36.9	0.0	0.0	0.0	70.2	13.4	41.7
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putati	75	26.7	11.5	8.3	24.1	0.0	9.9	33.6	26.2	10.6	23.2	3.3	13.3
AT2G24820.1	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	61	0.0	0.0	0.0	24.2	24.8	25.3	0.0	0.0	0.0	61.3	75.6	98.6
AT5G52840.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	19	0.0	0.0	0.0	43.3	52.8	43.4	11.2	0.0	0.0	24.1	44.1	51.7
AT4G29160.1 (+	SNF7.1 - SNF7 family protein	24	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	60.3	40.8	122.7	0.0	0.0	0.0
AT1G64190.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	53	31.7	29.1	20.6	0.0	0.0	0.0	52.0	52.8	30.9	0.0	0.0	0.0
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	73	0.0	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	56.3	25.2	100.7	0.0	0.0	0.0
AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	48	18.4	17.6	7.5	0.0	0.0	0.0	86.8	17.5	28.7	0.0	0.0	0.0
AT4G35260.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	40	0.0	7.0	0.0	46.8	46.5	41.6	11.2	0.0	0.0	13.1	0.0	0.0
AT5G01650.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	12	41.6	38.8	34.4	19.1	0.0	5.6	19.7	18.4	30.0	0.0	0.0	0.0
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	16	25.9	31.7	21.9	34.6	43.3	48.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G43670.1	Inositol monophosphatase family protein	37	10.8	5.2	0.0	0.0	0.0	0.0	92.7	53.1	28.7	0.0	0.0	0.0
AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	57	23.4	12.4	8.5	10.5	2.0	15.4	37.7	85.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G56710.1	Ribosomal protein L31e family protein	14	0.0	0.0	0.0	0.0	17.0	0.0	1.4	0.0	0.0	7.9	0.0	0.0
AT3G58140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase class IIc family protein	49	25.8	32.7	29.7	0.0	0.0	0.0	41.3	43.7	38.4	0.0	0.0	0.0
AT5G63310.1	NDPK2, NDPK1A, NDPK IA IA, NDPK IA, ATNDPK2 - nucleoside diphosphate kina	26	25.0	52.9	52.1	0.0	0.0	0.0	15.2	37.1	44.2	0.0	0.0	0.0
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	66	0.0	0.0	0.0	69.1	51.1	39.8	0.0	0.0	0.0	39.2	0.0	26.2
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	56	0.0	0.0	0.0	60.6	29.9	38.0	6.4	0.0	0.0	41.2	12.6	35.3
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	66	0.0	0.0	0.0	41.5	33.1	39.8	0.0	0.0	0.0	44.2	52.1	58.1
AT4G39260.1	CCR1, ATGRP8, GR-RBP8, GRP8 - cold, circadian rhythm, and RNA binding 1	17	77.6	67.0	59.5	0.0	0.0	0.0	0.0	35.0	57.5	0.0	0.0	0.0
ATCG00380.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	23	0.0	0.0	0.0	43.0	39.2	49.7	0.0	0.0	0.0	28.1	31.5	51.7
AT5G02960.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	16	54.4	60.8	60.4	7.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G59970.3	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	66	7.2	19.3	0.0	0.0	0.0	0.0	72.1	21.7	10.8	31.1	0.0	0.0
AT1G66240.1	ATX1, ATATX1 - homolog of anti-oxidant 1	11	41.0	34.3	45.1	0.0	0.0	0.0	7.5	40.9	58.3	0.0	0.0	0.0
AT1G30690.1 (+	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	109.0	8.8	65.8	0.0	0.0	0.0
AT5G28540.1	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	74	0.0	0.0	72.1	0.0	0.0	76.1	327.0	196.4	251.8	176.8	188.2	222.6
AT5G63890.2 (+	ATHDH, HISN8, HDH - histidinol dehydrogenase	50	53.9	44.9	40.8	0.0	0.0	0.0	25.2	22.0	19.0	0.0	0.0	0.0
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	76	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	1.8	0.0	0.0	0.0	38.1	133.5	135.1
AT1G63770.3 (+	Peptidase M1 family protein	111	1.9	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	148.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33500.1	Protein phosphatase 2C family protein	79	1.8	0.0	7.4	45.8	45.2	32.6	5.7	17.5	16.6	0.0	37.8	0.0
AT1G04080.1 (+	PRP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	85	0.0	0.0	0.0	31.0	37.4	10.9	0.0	0.0	0.0	55.3	65.9	68.2
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	25	0.0	0.0	0.0	45.7	37.1	32.6	25.3	30.6	24.0	6.9	0.0	0.0
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	44	32.9	41.4	26.0	0.0	0.0	0.0	47.5	26.2	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G39330.1	ATCAD9, CAD9 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	39	28.5	43.2	24.1	0.0	0.0	0.0	28.6	73.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	38	52.0	31.7	8.2	0.0	0.0	0.0	34.7	66.3	10.6	0.0	0.0	0.0
AT4G12420.1 (+	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	66	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.1	54.7	49.1	16.1	0.0	32.2
AT3G25520.1	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	34	0.0	0.0	0.0	28.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	254.3	563.8	500.1
AT1G55860.1 (+	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	433	0.0	0.0	0.0	14.7	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	72.4	104.0	80.1
AT2G28900.1	OEP16, ATOEP16-L, ATOEP16-1, OEP16-1 - outer plastid envelope protein 16-1	15	13.4	12.1	28.8	17.4	8.5	0.0	5.5	0.0	0.0	51.2	26.8	61.4
ATCG00750.1	RPS11 - ribosomal protein S11	15	0.0	0.0	0.0	33.7	54.6	56.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar protor	29	0.0	0.0	0.0	48.5	31.9	8.1	0.0	21.8	0.0	42.3	39.1	60.6
AT3G23490.1	CYN - cyanase	19	38.2	44.0	56.8	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0	52.7	0.0	0.0	0.0
AT1G06190.2 (+	Rho termination factor	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	57.2	162.5	110.0
AT5G24165.1	unknown protein	8	26.0	36.2	37.1	0.0	30.0	44.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	34	0.0	0.0	0.0	53.7	37.4	61.5	0.0	0.0	0.0	24.1	39.5	51.6
AT3G12260.1	LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	15	15.5	6.2	25.9	42.5	44.5	64.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G10480.1 (+	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	23	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	81.2	10.5	49.8	26.1	6.4	9.6
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	44	48.1	37.8	22.3	0.0	0.0	0.0	42.4	26.2	17.8	0.0	0.0	0.0
AT1G12270.1	Hop1 - stress-inducible protein, putative	65	50.6	43.2	57.6	0.0	0.0	1.8	2.7	23.8	40.7	0.0	0.0	0.0
AT3G49910.1	Translation protein SH3-like family protein	17	6.1	14.1	12.8	38.0	41.2	44.3	0.0	34.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G62780.1	unknown protein	27	0.0	0.0	0.0	31.2	25.9	26.3	0.0	0.0	46.6	14.1	0.0	13.0
AT1G33590.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	52	33.2	31.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	147.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G42740.1 (+	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	21	16.5	10.6	18.5	31.9	30.0	14.5	0.0	48.0	9.5	12.1	0.0	0.0
AT4G09040.1 (+	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	34	68.9	56.4	65.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	40	32.0	37.9	38.0	0.0	0.0	0.0	19.7	30.6	19.2	2.1	0.0	0.0
AT4G15410.1	PUX5 - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B pı	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	13.2	46.4	33.1	81.8	56.5
AT5G20990.1	B73, SIR4, CNX, CHL6, CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molyb	71	0.0	1.7	0.0	40.4	52.9	63.3	0.0	28.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	118	0.0	0.0	0.0	35.3	21.7	25.3	2.6	0.0	0.0	58.2	27.7	67.4
AT5G10450.1 (+	GRF6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	28	0.0	0.0	0.0	37.9	33.8	14.5	73.5	0.0	0.0	9.1	3.8	46.0
AT5G55160.1	SUM2, SUMO 2, SUMO2, ATSUMO2 - small ubiquitin-like modifier 2	12	18.6	20.3	20.5	0.0	0.0	0.0	31.5	49.2	75.5	0.0	0.0	0.0
AT3G44620.1 (+	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	27	50.8	38.7	43.5	0.0	0.0	0.0	19.7	2.0	45.3	0.0	0.0	0.0
AT3G24170.1 (+	ATGR1, GR1 - glutathione-disulfide reductase	54	26.0	24.6	22.3	0.0	0.0	0.0	30.6	82.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79280.1 (+	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	237	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	64.2	83.6	101.1
AT2G03680.1 (+	SPR1, SKU6 - spiral1	12	14.8	15.8	16.7	32.8	46.4	36.2	0.0	0.0	0.0	2.0	16.0	0.0
AT4G01900.1	PII, GLB1 - GLNB1 homolog	21	45.3	35.3	48.3	0.0	0.0	0.0	14.0	26.2	38.3	0.0	0.0	0.0
AT2G33210.1 (+	HSP60-2 - heat shock protein 60-2	62	88.3	99.6	90.1	0.0	0.0	0.0	42.0	75.0	24.9	0.0	0.0	0.0
AT5G41790.1	CIP1 - COP1-interactive protein 1	182	0.0	0.0	0.0	33.8	34.6	54.2	0.0	0.0	0.0	22.1	60.1	20.2
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	69	0.0	0.0	0.0	51.8	44.9	39.8	11.9	0.0	0.0	42.2	0.0	0.0
AT5G36700.1 (+	ATPGLP1, PGLP1 - 2-phosphoglycolate phosphatase 1	40	18.6	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.1	8.8	27.5	0.0	0.0	0.0
AT3G52380.1	CP33, PDE322 - chloroplast RNA-binding protein 33	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	87.4	108.4	86.4
AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	110	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	57.3	107.5	98.4
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	141	14.8	7.0	14.9	20.8	8.5	25.3	25.8	36.1	12.1	8.0	0.0	0.0
AT1G12230.1 (+	Aldolase superfamily protein	44	0.0	0.0	0.0	33.9	48.3	53.3	16.8	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0
AT4G16830.1	Hyaluronan / mRNA binding family	37	11.6	51.1	59.5	27.4	23.2	30.7	0.0	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0
AT1G20950.1	Phosphofructokinase family protein	67	0.0	0.0	0.0	12.2	30.8	30.8	26.1	29.1	21.4	28.0	0.0	0.0
AT5G64350.1	FKBP12, ATFKBP12 - FK506-binding protein 12	12	38.6	38.8	35.3	0.0	0.0	0.0	0.0	16.5	41.8	0.0	0.0	0.0
AT1G10670.1 (+	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	47	0.0	0.0	0.0	41.5	16.1	15.4	8.2	0.0	0.0	52.2	31.5	53.4
AT1G36160.1 (+	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	251	0.0	0.0	0.0	22.2	31.1	22.6	6.4	0.0	0.0	69.3	0.0	62.9
AT4G01370.1	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	43	0.0	0.0	0.0	27.7	12.1	17.2	0.0	0.0	0.0	41.1	78.2	74.2
AT3G54210.1	Ribosomal protein L17 family protein	23	18.6	31.7	33.4	40.6	37.1	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G17200.1	DSK2 - ubiquitin family protein	58	0.0	0.0	0.0	47.5	75.9	62.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G31480.1 (+	Coatomer, beta subunit	106	0.0	0.0	0.0	19.0	16.7	19.8	0.0	0.0	0.0	51.3	39.6	73.4
AT2G34480.1	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	21	0.0	7.0	0.0	56.1	60.2	54.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	100	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	93.6	30.6	27.5	0.0	0.0	0.0
AT4G21660.2 (+	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	69	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.1	126.6	121.7
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	116	0.0	0.0	0.0	98.4	67.0	45.1	0.0	0.0	0.0	100.4	32.7	59.3
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	40	0.0	0.0	0.0	37.2	13.1	3.6	0.0	0.0	0.0	40.1	22.1	98.5
AT5G06600.1 (+	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	131	0.0	0.0	0.0	44.0	30.8	22.6	22.3	0.0	0.0	38.1	0.0	38.9
AT2G46280.1 (+	TRIP-1, TIF3I1 - TGF-beta receptor interacting protein 1	36	23.8	19.3	33.4	21.5	42.4	38.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	30	19.4	0.0	7.5	53.2	43.4	36.0	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53020.1	STV1, RPL24B, RPL24 - Ribosomal protein L24e family protein	19	37.2	33.4	38.2	17.6	24.8	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G64040.1	PSAN - photosystem I reaction center subunit PSI-N, chloroplast, putative / PSI-	18	0.0	0.0	0.0	20.7	25.6	39.8	0.0	0.0	0.0	40.2	0.0	52.6
AT1G21750.1 (+	ATPDIL1-1, ATPDI5, PDI5, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	56	14.8	7.0	14.9	13.8	8.0	0.0	26.6	8.7	28.7	10.9	23.9	0.0
ATCG01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster bindin	9	0.0	0.0	0.0	20.8	33.1	28.9	0.0	0.0	20.4	36.2	25.2	25.8

AT5G13630.1 (+	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplas	154	0.0	0.0	0.0	43.4	20.6	32.6	40.6	0.0	0.0	32.1	0.0	0.0
AT3G56150.1 (+	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation fa	103	0.0	0.0	0.0	5.2	0.0	21.7	0.0	0.0	0.0	73.3	66.1	72.1
AT3G08030.1 (+	Protein of unknown function, DUF642	39	0.0	12.3	0.0	0.0	0.0	0.0	34.0	117.5	11.9	0.0	0.0	0.0
AT5G65620.1	Zincin-like metalloproteases family protein	89	14.8	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	102.5	11.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G27950.1	LTPG1 - glycosylphosphatidylinositol-anchored lipid protein transfer 1	20	33.2	31.7	40.0	13.8	16.6	7.2	5.5	8.8	20.4	0.0	0.0	0.0
AT1G07770.1 (+	RPS15A - ribosomal protein S15A	15	0.0	0.0	0.0	34.7	56.9	33.5	0.0	0.0	0.0	16.1	25.2	22.2
AT5G65410.1	ATHB25, ZFHD2, HB25, ZHD1 - homeobox protein 25	31	0.0	0.0	0.0	6.1	0.0	0.0	2.2	3.9	20.9	46.0	64.1	26.5
AT3G55330.1	PPL1 - PsbP-like protein 1	26	22.2	7.8	35.2	0.0	0.0	0.0	15.9	56.8	52.5	0.0	0.0	0.0
AT1G64520.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	31	0.0	0.0	0.0	29.3	0.0	25.3	0.0	0.0	0.0	47.3	66.2	64.5
AT1G62020.1	Coatomer, alpha subunit	137	0.0	0.0	0.0	14.9	21.6	19.0	0.0	0.0	0.0	84.3	86.2	88.6
AT5G47190.1	Ribosomal protein L19 family protein	25	0.0	0.0	0.0	63.1	52.8	43.5	4.1	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13460.1	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	72	0.0	0.0	0.0	44.0	53.7	25.3	0.0	0.0	0.0	31.1	0.0	0.0
AT5G16880.1 (+	Target of Myb protein 1	45	0.0	0.0	0.0	41.4	18.5	33.4	31.7	0.0	0.0	37.2	0.0	11.8
AT5G02160.1	unknown protein	13	0.0	0.0	0.0	34.6	60.2	60.6	0.0	0.0	0.0	4.9	0.0	0.0
AT4G28660.1 (+	PSB28 - photosystem II reaction center PSB28 protein	20	34.3	37.0	24.1	8.6	16.6	14.5	0.0	20.5	25.0	0.0	0.0	0.0
AT1G47200.1	WPP2 - WPP domain protein 2	19	0.0	0.0	0.0	0.0	11.6	11.8	19.7	15.4	94.5	0.0	0.0	3.5
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	27	0.0	0.0	0.0	48.4	32.2	37.1	28.0	0.0	14.5	9.0	0.0	0.0
AT1G66200.1	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	39	37.4	2.7	0.0	0.0	0.0	0.0	102.2	10.1	25.7	20.8	0.0	0.0
AT5G45280.2	Pectinacetylesterase family protein	42	61.6	86.4	81.6	0.0	0.0	0.0	0.0	68.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G45030.1 (+	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	14	25.0	29.2	31.8	20.8	30.0	29.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G29880.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	82	0.0	7.0	7.4	0.0	0.0	0.0	61.5	48.1	43.1	0.0	0.0	0.0
AT5G56360.1	PSL4 - calmodulin-binding protein	73	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	43.3	127.5	117.5
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	26	24.0	35.3	38.1	7.0	8.0	14.5	0.0	26.2	23.9	0.0	0.0	0.0
AT4G27090.1	Ribosomal protein L14	16	23.2	36.2	33.5	5.2	8.0	18.1	0.0	62.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30200.1	catalytics;transferases;[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	42	22.2	35.3	33.4	0.0	0.0	0.0	32.9	43.7	2.5	0.0	0.0	0.0
AT5G08410.1	FTRA2 - ferredoxin/thioredoxin reductase subunit A (variable subunit) 2	20	41.7	35.2	35.3	0.0	0.0	0.0	5.5	13.2	52.2	0.0	0.0	0.0
AT4G27500.1	PPI1 - proton pump interactor 1	69	0.0	0.0	0.0	21.7	7.4	7.2	4.2	17.5	9.6	28.1	56.7	50.1
AT4G34490.1	ATCAP1, CAP 1, CAP1 - cyclase associated protein 1	51	0.0	0.0	0.0	30.2	25.9	26.2	14.0	0.0	19.2	37.2	0.0	26.1
AT5G61780.1	Tudor2, AtTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	108	14.8	7.0	7.4	0.0	0.0	0.0	50.5	58.8	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G16880.1	uridylyltransferase-related	31	0.0	0.0	0.0	44.9	37.4	49.7	32.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein	32	0.0	0.0	0.0	34.5	33.1	25.3	0.0	0.0	0.0	32.1	31.5	71.1
AT2G47610.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	29	0.0	0.0	30.8	115.7	131.8	123.0	0.0	4.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	44	0.0	0.0	0.0	37.1	24.1	32.6	0.0	0.0	0.0	48.2	2.5	15.3
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	62	0.0	0.0	0.0	75.9	75.8	67.8	0.0	0.0	0.0	8.9	0.0	8.5
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	15	8.9	20.2	10.3	29.4	23.8	24.4	14.1	0.0	28.7	0.0	0.0	0.0
AT5G66140.1	PAD2 - proteasome alpha subunit D2	27	29.6	38.8	40.8	0.0	0.0	0.0	0.0	56.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G07630.1 (+	ADT2 - arogenate dehydratase 2	42	0.0	0.0	0.0	32.1	22.7	36.2	0.0	0.0	0.0	40.2	56.7	29.2
AT1G79870.1	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein	34	31.2	29.9	32.4	0.0	0.0	0.0	33.9	36.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G05990.1 (+	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	41	17.2	28.2	0.0	0.0	0.0	0.0	36.4	58.0	9.6	0.0	0.0	0.0
ATCG01120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	11	0.0	0.0	0.0	61.4	57.3	39.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	39	0.0	0.0	0.0	15.7	17.7	21.7	30.9	0.0	24.0	20.1	0.0	2.4
AT5G47700.1 (+	60S acidic ribosomal protein family	11	0.0	0.0	0.0	0.0	4.0	0.0	53.1	0.0	0.0	59.2	11.5	6.0
AT3G22110.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	27	47.3	49.4	42.6	0.0	0.0	0.0	0.0	13.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	153	0.0	0.0	0.0	20.7	20.6	27.1	0.0	0.0	21.6	42.1	44.2	23.8
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	65	0.0	0.0	0.0	19.8	16.6	25.3	0.0	0.0	0.0	43.2	70.6	58.3
AT1G78150.1 (+	unknown protein	30	1.9	14.1	11.1	31.0	57.9	48.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G78380.1	ATGSTU19, GST8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	26	7.2	5.3	7.5	0.0	0.0	0.0	51.6	26.2	28.7	0.0	0.0	0.0
AT3G27240.1	Cytochrome C1 family	34	0.0	0.0	0.0	49.2	38.4	28.9	0.0	0.0	0.0	25.1	2.6	30.6
AT1G50250.1 (+	FTSH1 - FTSH protease 1	77	0.0	0.0	0.0	21.6	23.9	18.0	0.0	0.0	0.0	54.2	48.7	45.1
AT4G23600.1	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	47	15.7	35.3	0.0	0.0	0.0	0.0	63.8	0.0	19.3	0.0	0.0	0.0
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	48	18.4	25.6	30.6	0.0	16.6	18.1	0.0	31.8	28.7	0.0	0.0	0.0
AT2G45540.1 (+	WD-40 repeat family protein / beige-related	322	0.0	0.0	0.0	20.9	16.6	24.4	0.0	0.0	0.0	56.0	44.1	44.3
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	94	0.0	0.0	0.0	27.7	0.0	19.0	0.0	0.0	0.0	58.1	56.7	47.5
AT4G32520.1 (+	SHM3, AtSHMT3 - serine hydroxymethyltransferase 3	58	64.9	45.8	54.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	114	0.0	0.0	0.0	24.3	28.0	18.1	0.0	0.0	0.0	45.2	23.4	77.7
AT5G13650.2	elongation factor family protein	74	0.0	2.6	14.9	0.0	0.0	0.0	62.4	26.8	35.9	0.0	0.0	2.4
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	72	34.9	26.4	6.3	0.0	0.0	0.0	46.0	43.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G23100.1 (+	RML1, PAD2, GSH1, CAD2, ATECS1, GSHA - glutamate-cysteine ligase	59	16.4	23.8	5.4	0.0	0.0	0.0	78.9	3.5	8.4	0.0	0.0	0.0
AT2G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	41	0.0	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	107.4	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT5G26570.1	PWD, OK1, ATGWD3 - catalytics;carbohydrate kinases;phosphoglucan, water di	131	10.8	17.6	0.0	0.0	0.0	0.0	55.1	35.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G13850.1	NACA3 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	22	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.3	26.1	57.5	29.2	20.6	26.8
AT1G18070.1 (+	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	59	34.3	49.3	7.5	0.0	0.0	0.0	32.2	16.4	13.2	0.0	0.0	0.0
AT5G47890.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase B8 subunit, putative	11	0.0	14.1	18.6	23.4	28.9	22.6	0.0	0.0	0.0	12.0	39.5	3.4
AT3G01910.1	SOX, AT-SO, AtSO - sulfite oxidase	43	40.9	22.0	29.7	0.0	0.0	0.0	7.8	45.9	25.1	0.0	0.0	0.0
AT2G17120.1	LYM2 - lysm domain GPI-anchored protein 2 precursor	38	29.6	31.7	37.2	0.0	0.0	0.0	15.4	26.3	38.4	0.0	0.0	0.0
AT1G29910.1 (+	CAB3, AB180, LHCB1.2 - chlorophyll A/B binding protein 3	28	0.0	0.0	0.0	28.5	4.2	23.5	9.8	0.0	0.0	71.2	3.8	12.6
AT1G42550.1	PMI1 - plastid movement impaired1	94	0.0	0.0	0.0	0.0	24.8	8.1	0.0	0.0	0.0	37.2	82.1	64.4
AT3G11930.1 (+	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	21	0.0	0.0	0.0	25.3	35.6	22.3	0.0	0.0	0.0	47.6	33.7	45.1
AT3G15730.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	92	0.0	0.0	0.0	39.6	2.1	3.7	12.5	0.0	0.0	24.1	44.1	61.6
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	77	0.0	0.0	0.0	32.9	2.1	31.6	0.0	0.0	0.0	28.1	49.0	59.8
AT5G20080.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	36	27.6	35.3	36.2	9.6	0.0	16.2	0.0	21.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G36020.1	CSDP1 - cold shock domain protein 1	30	0.0	7.0	34.3	0.0	34.6	16.3	0.0	31.8	50.4	0.0	0.0	0.0
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	67	18.6	18.5	7.5	0.0	0.0	0.0	66.6	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G04039.1 (+	unknown protein	21	12.8	26.4	31.5	0.0	0.0	7.2	0.0	15.9	43.1	0.0	0.0	0.0
AT1G53670.1	MSRB1, ATMSRB1 - methionine sulfoxide reductase B 1	23	29.4	17.6	34.3	20.8	24.8	18.1	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT5G08060.1	unknown protein	15	7.2	0.0	5.5	31.1	31.2	24.4	0.0	0.0	0.0	10.1	34.1	8.4
AT1G52510.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	42	0.0	0.0	0.0	34.7	20.8	21.7	17.5	0.0	0.0	34.0	0.0	0.0
AT3G04550.1	unknown protein	50	0.0	0.0	0.0	45.9	27.2	42.5	9.9	0.0	0.0	28.1	0.0	0.0
AT1G56190.1 (+	Phosphoglycerate kinase family protein	50	245.7	113.6	168.0	0.0	0.0	0.0	308.3	174.5	167.5	0.0	0.0	0.0
AT4G24620.1	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	67	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	103.1	8.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	110	22.6	24.7	7.5	0.0	0.0	0.0	60.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G47910.1 (+	CRR6 - chlororespiratory reduction 6	28	0.0	0.0	0.0	34.7	36.1	28.9	19.6	0.0	0.0	13.9	0.0	4.8
AT3G25660.1	Amidase family protein	57	29.2	28.2	34.3	0.0	0.0	0.0	0.0	45.6	33.5	0.0	0.0	0.0
AT1G01080.1 (+	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	33	24.0	25.6	26.9	0.0	0.0	0.0	0.0	27.4	9.6	0.0	0.0	0.0
AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	62	0.0	0.0	0.0	23.3	32.4	46.1	0.0	0.0	0.0	23.0	22.9	0.0
AT1G01470.1	LEA14, LSR3 - Late embryogenesis abundant protein	17	0.0	0.0	0.0	47.6	18.7	51.5	20.3	0.0	0.0	10.1	0.0	0.0
AT1G74470.1	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	52	0.0	0.0	0.0	5.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.1	26.9	56.5
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.0	9.8	83.1	16.1	0.0	0.0
AT5G59880.1 (+	ADF3 - actin depolymerizing factor 3	16	28.7	23.0	27.9	0.0	0.0	0.0	19.7	32.9	39.6	0.0	0.0	0.0
AT3G11400.1 (+	EIF3G1, ATEIF3G1 - eukaryotic translation initiation factor 3G1	33	10.8	7.0	20.4	41.6	38.0	38.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G17330.1	ATG2484-1, G2484-1 - G2484-1 protein	218	0.0	0.0	0.0	34.6	55.1	47.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79550.1 (+	PGK - phosphoglycerate kinase	42	25.9	48.5	37.1	0.0	0.0	0.0	104.0	24.1	34.6	0.0	0.0	0.0
AT4G29840.1	MTO2, TS - Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein	58	8.1	25.5	14.9	0.0	0.0	0.0	43.6	21.9	27.5	0.0	0.0	0.0
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.2	14.7	33.3	25.1	33.6	51.0
AT3G18740.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	12	22.2	17.6	7.5	19.9	25.8	31.6	0.0	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G60640.1 (+	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	0.0	0.0	0.0	59.2	45.8	80.3
AT3G52140.1 (+	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	153	0.0	0.0	0.0	0.0	34.1	14.5	5.5	8.7	0.0	31.0	41.6	29.7
AT1G75100.1	JAC1 - J-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	72	0.0	0.0	0.0	24.0	14.2	33.4	0.0	0.0	23.9	6.9	50.3	26.6
AT2G42500.1	PP2A-3 - protein phosphatase 2A-3	36	0.0	0.0	0.0	34.3	30.8	3.6	0.0	0.0	0.0	42.1	18.8	35.9
AT2G43790.1	ATMPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	45	0.0	0.0	0.0	35.4	2.1	0.0	0.0	0.0	0.0	43.1	3.8	71.3
AT3G04920.1	Ribosomal protein S24e family protein	15	37.0	41.4	39.0	28.6	45.4	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31330.1	PSAF - photosystem I subunit F	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	31.1	44.1	70.9
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	103	0.0	0.0	0.0	26.7	35.4	0.0	0.0	0.0	0.0	44.2	83.5	66.2
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone GrpE family protein	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	31.5	15.4	83.8	12.1	18.9	2.4
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	40	0.0	0.0	0.0	50.8	60.1	49.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56070.1 (+	ROC2 - rotamase cyclophilin 2	19	32.2	22.0	36.0	0.0	0.0	0.0	11.2	27.8	34.2	0.0	0.0	0.0
AT2G47940.1 (+	DEGP2 - DEGP protease 2	67	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	58.9	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G16470.1 (+	PAB1 - proteasome subunit PAB1	26	50.6	44.0	45.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT4G20760.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	32	40.1	42.3	64.1	0.0	0.0	0.0	0.0	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	59	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	49.2	88.3	79.0
AT5G16660.1 (+	unknown protein	18	0.0	0.0	0.0	13.8	20.8	21.7	0.0	0.0	9.6	25.1	37.8	32.9
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	27	25.6	24.7	26.0	6.8	0.0	0.0	11.2	14.2	0.0	3.7	2.5	8.4
AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, p	109	0.0	0.0	0.0	15.5	25.9	21.7	0.0	0.0	0.0	39.2	44.3	54.1
AT3G17940.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	37	41.7	53.8	39.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G62480.1	Vacuolar calcium-binding protein-related	17	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	61.6	0.0	62.1	0.0	0.0	0.0
AT2G43160.1 (+	ENTH/VHS family protein	95	0.0	0.0	0.0	9.3	16.6	14.5	5.5	0.0	14.5	23.2	10.9	81.8
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	27	0.0	0.0	0.0	35.3	32.1	7.2	0.0	0.0	0.0	20.1	0.0	16.4
AT5G58220.3	TTL - transthyretin-like protein	34	0.0	0.0	0.0	39.7	26.9	23.5	0.0	0.0	0.0	44.2	0.0	0.0
ATCG00065.1 (+	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	14	17.6	22.9	26.0	24.2	23.7	38.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09780.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	61	47.0	53.8	11.1	0.0	0.0	0.0	84.0	72.1	33.6	0.0	0.0	0.0
AT2G21385.3 (+	unknown protein	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	50.4	0.0	107.9	0.0	0.0	0.0
AT5G02450.1	Ribosomal protein L36e family protein	12	22.2	28.2	26.0	21.5	24.6	24.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G08540.1	unknown protein	39	0.0	0.0	0.0	9.7	33.9	18.1	0.0	0.0	0.0	45.2	30.6	42.5
AT5G64300.1	ATGCH, GCH, ATRIBA1, RFD1 - GTP cyclohydrolase II	59	0.0	0.0	0.0	44.0	32.9	32.5	0.0	0.0	0.0	8.0	31.5	0.0
AT5G14320.1	Ribosomal protein S13/S18 family	19	0.0	0.0	0.0	32.1	32.9	41.7	0.0	39.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	60	0.0	7.1	18.5	17.4	13.8	8.1	28.1	10.9	0.0	11.2	0.0	0.0
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	108	55.6	45.0	31.5	0.0	0.0	0.0	28.0	14.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G23940.1 (+	dehydratase family	65	9.5	29.1	25.9	0.0	0.0	0.0	31.4	31.5	12.9	0.0	0.0	0.0
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FT	46	0.0	0.0	0.0	38.0	33.2	42.5	5.7	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0
AT1G17290.1	AlaAT1 - alanine aminotransferas	60	7.2	17.6	0.0	0.0	0.0	0.0	60.2	24.9	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G16950.1 (+	LPD1, ptlpd1 - lipoamide dehydrogenase 1	61	0.0	0.0	0.0	125.2	144.9	125.6	0.0	127.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G19150.1	Ankyrin repeat family protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	40.4	90.8	0.0	0.0	0.0
AT5G12110.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/r	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	82.5	11.3	62.5	0.0	0.0	0.0
AT1G31730.1	Adaptin family protein	104	0.0	0.0	0.0	33.6	19.6	20.8	0.0	0.0	2.4	32.0	36.5	12.0
AT5G08100.1	N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	33	25.8	21.2	20.4	6.8	16.6	32.5	0.0	0.0	23.9	0.0	0.0	0.0
AT4G38710.1	glycine-rich protein	49	0.0	0.0	0.0	21.7	17.5	34.3	0.0	0.0	55.0	0.0	12.6	2.4
AT1G59900.1	AT-E1 ALPHA, E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase complex E1 alpha subunit	43	8.5	24.7	25.2	0.0	0.0	0.0	22.5	44.7	16.6	0.0	0.0	0.0
AT1G21630.2 (+	Calcium-binding EF hand family protein	135	0.0	0.0	0.0	6.8	34.1	21.7	0.0	0.0	0.0	20.1	59.7	35.6
AT1G51650.1	ATP synthase epsilon chain, mitochondrial	8	0.0	0.0	0.0	32.8	36.4	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	8.5
AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	57	7.2	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0	57.4	0.0	4.8	0.0	0.0	0.0
AT3G59980.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	30	31.6	33.4	49.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G20810.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	26	24.9	60.8	57.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G44590.1 (+	60S acidic ribosomal protein family	11	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.8	0.0	33.5	10.2	2.5	12.8
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	67.4	8.8	23.9	0.0	0.0	0.0
AT1G27090.1	glycine-rich protein	46	0.0	0.0	0.0	38.9	52.3	51.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G32470.1	Cytochrome bd ubiquinol oxidase, 14kDa subunit	15	1.6	28.2	18.5	21.6	15.3	33.5	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0
AT5G47840.1	AMK2 - adenosine monophosphate kinase	31	38.8	38.7	29.7	0.0	0.0	0.0	0.0	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G52750.1	FTSZ2-2 - Tubulin/FtsZ family protein	50	0.0	0.0	0.0	67.5	48.0	55.2	0.0	0.0	0.0	78.2	10.2	18.1
AT5G28050.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	20	36.8	32.6	41.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G15000.1 (+	Ribosomal L27e protein family	16	3.7	7.1	11.1	21.4	49.8	37.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G25690.1 (+	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	112	0.0	0.0	0.0	5.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	41.1	65.2	73.4
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	74	0.0	0.0	0.0	22.5	35.0	64.2	0.0	0.0	0.0	13.0	0.0	0.0
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	49	39.8	43.2	36.2	0.0	0.0	0.0	19.2	13.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	11	24.9	26.4	25.9	15.6	23.5	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G17900.1	unknown protein	92	0.0	0.0	0.0	0.0	21.6	14.5	0.0	0.0	0.0	25.1	46.6	52.4
AT2G20630.1	PIA1 - PP2C induced by AVRRPM1	30	25.8	29.1	24.2	0.0	0.0	0.0	5.7	51.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	72	0.0	0.0	0.0	0.0	12.8	0.0	14.6	0.0	0.0	23.1	12.6	53.9
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	54	25.8	35.3	7.5	0.0	0.0	0.0	33.5	26.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56240.1	CCH - copper chaperone	13	37.9	35.1	36.8	0.0	0.0	0.0	0.0	3.9	26.1	0.0	0.0	0.0
AT5G61510.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	44	33.9	28.2	22.5	0.0	0.0	0.0	0.0	15.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	88	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	83.1	60.7	41.3
AT4G38680.1	GRP2, CSDP2, CSP2, ATCSP2 - glycine rich protein 2	19	7.2	11.5	18.6	11.4	22.7	14.5	0.0	0.0	26.4	0.0	0.0	0.0

AT5G48220.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	42	14.5	15.0	11.1	0.0	6.0	0.0	8.2	30.4	38.3	0.0	0.0	0.0
AT1G03310.1 (+	ATISA2, ISA2, DBE1, BE2 - debranching enzyme 1	99	0.0	0.0	0.0	39.0	24.6	9.0	0.0	0.0	0.0	33.1	12.6	32.2
AT4G36810.1	GGPS1 - geranylgeranyl pyrophosphate synthase 1	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.4	13.2	19.1	0.0	0.0	0.0
AT5G48580.1	FKBP15-2 - FK506- and rapamycin-binding protein 15 kD-2	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.6	22.9	64.8	0.0	0.0	0.0
AT5G47030.1	ATPase, F1 complex, delta/epsilon subunit	22	0.0	0.0	0.0	21.6	24.6	47.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G35830.1	ACO1 - aconitase 1	98	73.2	24.2	0.0	0.0	0.0	0.0	89.3	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02080.1	Ribosomal protein S19e family protein	16	13.8	24.5	29.7	38.0	33.1	32.6	0.0	17.4	7.2	0.0	0.0	0.0
AT4G28910.1 (+	NINJA - novel interactor of JAZ	45	0.0	0.0	0.0	17.4	35.5	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.8
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily prot	36	0.0	0.0	0.0	43.4	23.7	1.8	14.1	30.6	0.0	22.2	0.0	0.0
AT2G42540.1 (+	COR15A, COR15 - cold-regulated 15a	13	44.1	64.4	46.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G60240.3 (+	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	188	0.0	0.0	0.0	20.7	32.2	47.1	0.0	0.0	0.0	0.0	30.6	3.6
AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family protein	26	0.0	0.0	0.0	25.7	33.5	36.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G44130.1	FLA13 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 13 precursor	26	7.2	7.0	19.5	24.2	23.8	21.7	0.0	0.0	28.8	0.0	0.0	0.0
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	195	0.0	0.0	0.0	29.4	24.8	13.5	0.0	0.0	0.0	20.1	7.2	10.8
AT5G57040.1	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	22	19.3	10.6	26.9	0.0	0.0	0.0	19.7	21.9	38.3	0.0	0.0	0.0
AT3G15840.1 (+	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	53.2	0.0	28.8	0.0	0.0	0.0
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	65	0.0	0.0	0.0	31.9	0.0	7.2	47.0	0.0	0.0	11.0	0.0	0.0
AT5G22770.1 (+	alpha-ADR - alpha-adaptin	112	0.0	0.0	0.0	18.2	29.1	25.3	0.0	0.0	0.0	20.1	25.2	45.2
AT2G40660.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	42	15.6	34.3	25.1	0.0	0.0	0.0	11.2	26.2	26.3	0.0	0.0	0.0
AT3G44340.1 (+	CEF - clone eighty-four	118	0.0	0.0	0.0	24.3	16.1	18.1	0.0	0.0	0.0	41.2	18.9	35.8
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation	52	0.0	0.0	0.0	37.1	12.8	35.2	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0
AT1G14610.1	TWN2, VALRS - valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VALRS)	126	0.0	7.1	7.4	0.0	0.0	0.0	36.3	41.2	33.6	0.0	0.0	0.0
AT2G35820.1	ureidoglycolate hydrolases	21	21.5	42.3	29.8	0.0	0.0	0.0	12.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G03980.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	28	23.1	41.4	51.1	0.0	0.0	0.0	0.0	4.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G10060.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	25	22.2	20.3	22.3	0.0	0.0	12.6	0.0	0.0	22.6	0.0	0.0	0.0
AT5G55230.1	ATMAP65-1, MAP65-1 - microtubule-associated proteins 65-1	66	0.0	0.0	0.0	19.1	0.0	21.7	30.9	0.0	2.5	2.0	0.0	0.0
AT5G16070.1 (+	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	59	0.0	0.0	0.0	10.2	12.1	7.2	25.7	41.4	3.3	4.0	0.0	0.0
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	106	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	52.9	13.0	24.0	0.0	0.0	0.0
AT1G24360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	34	11.4	18.5	11.2	0.0	0.0	0.0	16.9	40.5	26.4	0.0	0.0	0.0
AT1G68590.1	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	18	0.0	0.0	0.0	29.4	3.0	33.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G66420.1 (+	unknown protein	70	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.4	19.7	0.0	10.0	0.0	0.0
AT4G13350.1 (+	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	65	0.0	0.0	0.0	26.9	32.2	32.7	0.0	0.0	22.9	0.0	0.0	16.4
AT1G15690.1	AVP1, ATAVP3, AVP-3, AtVHP1;1 - Inorganic H pyrophosphatase family protein	81	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.4	0.0	5.5	0.0	0.0	19.5
AT3G56490.1	HIT3, HINT1 - HIS triad family protein 3	16	22.2	18.5	29.7	0.0	0.0	0.0	0.0	18.4	24.0	0.0	0.0	0.0
AT4G17520.1	Hyaluronan / mRNA binding family	39	22.1	26.3	39.0	7.0	13.1	17.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	58	0.0	0.0	0.0	29.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.3	58.0	56.8
AT5G64400.1	unknown protein	14	0.0	0.0	0.0	29.6	37.1	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G62120.1 (+	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	61.7	0.0	33.5	0.0	0.0	0.0
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	43	12.5	0.0	7.4	20.8	16.6	10.9	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G60360.1 (+	SAG2, AALP, ALP - aleurain-like protease	39	21.2	17.6	23.3	0.0	0.0	0.0	16.8	25.2	31.1	0.0	0.0	0.0
AT3G06720.1 (+	AT-IMP, ATKAP ALPHA, AIMP ALPHA, IMPA-1, IMPA1 - importin alpha isoform 1	59	0.0	0.0	0.0	56.8	53.7	43.4	0.0	0.0	0.0	59.2	27.0	5.4
AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	54	19.4	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0	37.7	20.7	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	193	0.0	0.0	0.0	190.9	99.3	133.9	47.9	0.0	0.0	445.7	0.0	242.4
AT3G12130.1	KH domain-containing protein / zinc finger (CCCH type) family protein	26	0.0	0.0	0.0	23.2	42.3	36.2	0.0	0.0	0.0	8.0	20.5	0.0
AT1G54290.1 (+	Translation initiation factor SUI1 family protein	13	40.8	36.1	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G22930.1	PYR4, DHOASE - pyrimidin 4	42	34.1	28.2	35.2	0.0	0.0	0.0	0.0	37.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G13850.3 (+	ATGRP2 - glycine-rich RNA-binding protein 2	15	37.7	32.6	48.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G04610.1	FLK - RNA-binding KH domain-containing protein	63	0.0	0.0	0.0	20.9	45.4	43.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.8
AT1G64550.1	ATGCN3, GCN3 - general control non-repressible 3	80	0.0	0.0	0.0	20.8	24.8	10.9	0.0	0.0	0.0	30.0	14.8	27.2
AT4G32180.1 (+	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	100	0.0	0.0	0.0	33.7	32.9	18.1	8.2	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT3G59760.1 (+	OASC, ATCS-C - O-acetylserine (thiol) lyase isoform C	46	33.2	35.3	49.2	0.0	0.0	0.0	0.0	41.8	38.0	0.0	0.0	0.0
AT5G54310.1	NEV, AGD5 - ARF-GAP domain 5	53	0.0	0.0	0.0	39.5	32.2	41.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	120	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	66.4	0.0	0.0	0.0	12.6	12.8
AT5G59750.1 (+	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	56	0.0	0.0	0.0	28.5	43.3	28.9	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0

AT1G48830.1 (+	Ribosomal protein S7e family protein	22	0.0	0.0	0.0	37.1	28.9	31.6	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G62390.1	ATBAG7, BAG7 - BCL-2-associated athanogene 7	52	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	36.2	75.6	85.4
AT2G43460.1 (+	Ribosomal L38e protein family	8	14.8	21.2	22.3	24.2	4.0	5.4	0.0	21.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G20630.1	CAT1 - catalase 1	57	0.0	7.8	0.0	207.7	128.0	122.9	0.0	0.0	0.0	63.0	0.0	8.5
AT2G25840.1 (+	OVA4 - Nucleotidylyl transferase superfamily protein	45	12.5	15.8	27.0	0.0	0.0	0.0	19.5	34.9	2.4	0.0	0.0	0.0
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	109	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	88.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G60245.1 (+	Zinc-binding ribosomal protein family protein	10	11.8	7.9	18.5	15.5	23.8	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G27470.1	seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase	52	14.8	14.1	14.9	0.0	0.0	0.0	36.4	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G31370.1 (+	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.9	11.2	0.0	0.0	35.1	39.5	45.3
AT5G62350.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	22	24.7	21.2	20.4	0.0	0.0	0.0	0.0	23.7	39.1	0.0	0.0	0.0
AT1G54410.1	dehydrin family protein	11	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6	0.0	0.0	0.0	32.2	62.5	62.5
AT3G15020.1	mMDH2 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	36	202.1	183.2	205.1	0.0	0.0	0.0	0.0	19.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G33830.2	Dormancy/auxin associated family protein	12	14.8	21.2	36.3	0.0	20.8	25.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G60710.1	ATB2 - NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	38	19.3	21.2	25.9	0.0	0.0	0.0	5.5	47.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11650.2	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	44	0.0	0.0	0.0	42.9	26.1	23.3	0.0	0.0	0.0	0.0	10.2	2.4
AT1G74920.1	ALDH10A8 - aldehyde dehydrogenase 10A8	54	7.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.5	28.4	46.6	0.0	0.0	0.0
AT1G45201.1 (+	ATTLL1, TLL1 - triacylglycerol lipase-like 1	55	0.0	0.0	0.0	20.8	28.6	21.7	0.0	0.0	0.0	28.1	3.4	27.0
AT5G43960.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-R	50	0.0	0.0	0.0	24.2	9.1	7.2	0.0	0.0	0.0	31.1	19.8	42.1
AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	104	0.0	0.0	0.0	5.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.2	47.0	40.5
AT5G48230.2	EMB1276, ACAT2 - acetoacetyl-CoA thiolase 2	41	33.4	21.2	9.2	0.0	0.0	0.0	0.0	48.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G18230.1	AtPPa2, PPa2 - pyrophosphorylase 2	25	18.4	25.6	33.4	10.5	0.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	47	33.2	33.5	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G47480.1	RGPR-related	146	0.0	0.0	0.0	5.2	16.6	7.2	1.4	0.0	0.0	31.1	45.8	19.5
AT1G77090.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	29	33.4	24.7	29.7	0.0	0.0	0.0	0.0	21.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G48810.1	ATB5-B, B5 #3, ATCB5-D, CB5-D - cytochrome B5 isoform D	15	0.0	0.0	0.0	27.5	46.4	21.6	0.0	0.0	0.0	0.0	7.6	2.4
AT5G58070.1	ATTIL, TIL - temperature-induced lipocalin	21	0.0	0.0	0.0	45.9	32.1	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G27640.2 (+	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	85	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	46.3	39.1	89.0
AT2G37620.1 (+	ACT1, AAc1 - actin 1	42	0.0	0.0	0.0	73.4	77.6	38.7	0.0	0.0	0.0	164.1	154.3	66.0
AT5G25610.1	RD22, ATRD22 - BURP domain-containing protein	42	0.0	0.0	0.0	21.6	29.9	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30695.1 (+	unknown protein	22	15.3	24.7	29.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	38.2	0.0	0.0	0.0
AT2G14750.1	APK, AKN1, ATAKN1, APK1 - APS kinase	30	29.6	30.0	37.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.3	0.0	0.0	0.0
AT5G08570.1	Pyruvate kinase family protein	55	15.7	15.0	11.3	1.8	0.0	0.0	14.7	17.4	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G61520.1 (+	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	29	0.0	0.0	0.0	11.5	25.9	10.9	0.0	0.0	0.0	16.1	47.4	23.1
AT4G17530.1	RAB1C, ATRAB1C, ATRABD2C - RAB GTPase homolog 1C	22	0.0	0.0	0.0	28.5	3.0	20.7	0.0	0.0	0.0	5.6	5.1	7.2
AT3G15880.1 (+	WSIP2, TPR4 - WUS-interacting protein 2	124	0.0	0.0	0.0	28.1	33.2	50.7	0.0	0.0	0.0	68.3	25.1	8.2
AT4G33740.1 (+	unknown protein	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	39.1	82.4	4.9
AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family	45	14.8	31.5	14.7	120.9	121.4	125.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G12950.1	Putative glycosyl hydrolase of unknown function (DUF1680)	96	19.5	35.3	30.7	0.0	0.0	0.0	14.8	3.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G09670.1	Oxidoreductase family protein	40	22.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	39.1	35.7	0.0	0.0	0.0
AT3G13860.1	HSP60-3A - heat shock protein 60-3A	60	22.0	14.1	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	34.9	28.8	0.0	0.0	0.0
AT2G40590.1	Ribosomal protein S26e family protein	15	0.0	0.0	0.0	56.3	67.3	45.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G18230.1 (+	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	93	0.0	0.0	0.0	25.2	34.6	34.3	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	18	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	10.8	0.0	19.6	26.2	22.0	6.7	2.4
AT4G39080.1	VHA-A3 - vacuolar proton ATPase A3	93	0.0	0.0	0.0	18.9	20.8	7.2	8.2	0.0	0.0	16.1	37.8	29.3
AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	95	0.0	0.0	0.0	24.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.1	37.8	0.0
AT3G43540.1	Protein of unknown function (DUF1350)	41	0.0	0.0	0.0	31.1	31.2	24.3	0.0	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0
AT1G30580.1	GTP binding	44	5.6	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	50.4	18.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	69	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.0	49.5	50.9
AT2G29530.1 (+	TIM10 - Tim10/DDP family zinc finger protein	9	0.0	0.0	0.0	46.5	20.4	47.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G74960.1 (+	FAB1, KAS2, ATKAS2 - fatty acid biosynthesis 1	58	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	19.6	0.0	21.1	0.0	2.4
AT5G40770.1	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	30	0.0	0.0	0.0	21.7	18.7	21.8	0.0	0.0	0.0	35.0	0.0	0.0
AT3G10650.1	unknown protein	136	0.0	0.0	0.0	10.4	47.8	56.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G25050.1 (+	ACP4 - acyl carrier protein 4	15	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	26.5	17.5	9.6	2.0	0.0	0.0
AT4G24820.1 (+	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domai	44	0.0	0.0	0.0	20.7	17.6	5.5	22.5	0.0	0.0	12.0	0.0	3.6

AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	88	0.0	0.0	0.0	28.5	20.6	7.2	0.0	0.0	0.0	28.1	0.0	0.0
AT5G38480.1 (+	GRF3, RCI1 - general regulatory factor 3	29	0.0	0.0	0.0	37.9	37.1	10.9	57.2	8.8	19.3	0.0	0.0	0.0
AT1G03475.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-I - Coproporphyrinogen III oxidase	44	34.1	28.2	11.1	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G27970.1 (+	NTF2B - nuclear transport factor 2B	14	0.0	0.0	0.0	31.1	29.9	28.9	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0	0.0
AT2G24940.1	AtMAPR2, MAPR2 - membrane-associated progesterone binding protein 2	11	28.5	26.5	36.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	42	0.0	0.0	0.0	43.2	32.8	25.3	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT2G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	120	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	85.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G04850.1	ubiquitin-associated (UBA)/TS-N domain-containing protein	47	22.0	21.2	18.6	0.0	0.0	0.0	5.5	8.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G08680.1 (+	ZIGA4, AGD14 - ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	71	0.0	0.0	0.0	9.4	0.0	14.4	0.0	0.0	3.6	9.0	37.1	17.2
AT4G24550.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	51	0.0	0.0	0.0	20.8	24.6	7.2	0.0	0.0	0.0	16.0	19.3	25.8
AT4G25740.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	19	0.0	0.0	0.0	8.5	19.7	31.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	41.5
AT2G01690.1 (+	ARM repeat superfamily protein	84	0.0	0.0	0.0	3.3	17.7	17.1	0.0	0.0	0.0	7.9	6.7	37.8
AT1G16350.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	54	29.8	31.7	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	9.6	0.0	0.0	0.0
AT5G53620.1 (+	unknown protein	76	0.0	0.0	0.0	26.9	0.0	29.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G19450.1	CAD4, ATCAD4, CAD, CAD-C - GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase fa	39	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	38.4	9.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	50	38.8	19.3	0.0	0.0	0.0	0.0	89.1	62.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75040.1	PR5, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	25	0.0	11.5	23.9	0.0	0.0	0.0	22.9	0.0	48.9	0.0	0.0	0.0
AT3G49470.1	NACA2 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	62.5	0.0	56.2	0.0	0.0	0.0
AT1G04750.1 (+	VAMP7B, VAMP721, ATVAMP721, AT VAMP7B - vesicle-associated membrane	25	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	7.2	1.4	0.0	0.0	22.1	14.3	46.7
AT5G51700.1	PBS2, ATRAR1, RPR2, RAR1 - protein binding;zinc ion binding	25	6.2	17.6	17.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	41.9	0.0	0.0	0.0
AT2G19480.1 (+	NFA02, NFA2, NAP1;2 - nucleosome assembly protein 1;2	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	45.9	87.6
AT4G02580.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 24 kDa subunit, putative	28	0.0	13.2	0.0	7.0	12.8	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G51690.1 (+	ATB ALPHA, B ALPHA - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpl	57	0.0	0.0	0.0	6.8	20.8	7.2	0.0	0.0	0.0	43.2	17.1	19.5
AT4G25100.1 (+	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	24	12.3	7.3	15.1	0.0	0.0	0.0	17.7	17.9	13.3	0.0	0.0	0.0
AT5G43330.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	36	245.2	227.8	232.6	0.0	0.0	0.0	0.0	85.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29010.1	AIM1 - Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	78	0.0	7.1	7.4	13.8	8.5	7.2	5.7	31.3	0.0	6.1	0.0	0.0
AT1G03860.1 (+	ATPHB2, PHB2 - prohibitin 2	32	0.0	0.0	0.0	21.7	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	28.0	2.6	8.2
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	30	5.3	45.8	23.0	5.2	0.0	0.0	116.1	22.0	68.3	0.0	0.0	0.0
AT2G28605.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	26	25.9	24.7	31.5	0.0	0.0	0.0	0.0	9.8	20.4	0.0	0.0	0.0
AT2G18040.1	PIN1AT - peptidylprolyl cis/trans isomerase, NIMA-interacting 1	13	28.6	29.9	49.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G30160.1 (+	VLN4, ATVLN4 - villin 4	109	0.0	10.5	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	13.2	35.8	0.0	0.0	0.0
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	26	0.0	0.0	0.0	13.8	16.1	21.7	0.0	0.0	0.0	2.0	29.7	38.8
AT4G29670.1	ACHT2 - atypical CYS HIS rich thioredoxin 2	26	0.0	5.2	7.4	0.0	0.0	0.0	11.9	21.8	59.6	0.0	0.0	0.0
AT5G67590.1	FRO1 - NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	17	0.0	0.0	7.4	17.2	32.1	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G00620.1	Amino acid dehydrogenase family protein	39	29.6	19.2	48.2	0.0	0.0	0.0	0.0	13.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30790.1	PSBP-2 - photosystem II subunit P-2	13	60.3	50.9	60.0	5.2	17.5	16.1	13.7	0.0	16.7	0.0	0.0	0.0
AT5G35790.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	65	0.0	0.0	0.0	21.6	24.8	28.9	9.8	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0
AT2G41680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	58	18.4	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	53.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G29360.1 (+	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	53	0.0	0.0	0.0	24.2	16.6	14.5	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G23650.1	CDPK6, CPK3 - calcium-dependent protein kinase 6	59	0.0	0.0	0.0	6.8	13.1	0.0	13.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31180.1	ATIMD3, IMD3, IPMDH1 - isopropylmalate dehydrogenase 3	44	38.1	32.6	14.7	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G73660.1	protein tyrosine kinase family protein	112	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.2	33.0	60.0
AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	67.1
AT1G80600.1	WIN1 - HOPW1-1-interacting 1	49	22.2	24.7	14.9	0.0	0.0	0.0	23.1	13.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G47390.1 (+	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	66	0.0	0.0	0.0	28.5	12.1	21.6	0.0	0.0	0.0	21.1	0.0	25.8
AT3G08510.1 (+	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.2	42.4	34.7
AT3G46740.1	TOC75-III, MAR1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts	89	0.0	0.0	0.0	11.9	8.0	5.4	0.0	0.0	0.0	33.2	18.9	3.6
AT4G34920.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	36	0.0	0.0	0.0	7.0	9.6	25.3	0.0	0.0	0.0	41.4	17.0	0.0
AT3G52560.1	UEV1D-4, MMZ4, UEV1D - ubiquitin E2 variant 1D-4	17	25.8	28.2	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G15090.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	39	0.0	0.0	7.5	38.0	28.9	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75280.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein	34	33.2	24.7	29.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	59	11.4	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	42.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G32550.1	FdC1 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	20	0.0	0.0	0.0	15.4	7.5	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G18810.1 (+	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	65	35.0	32.7	26.0	0.0	0.0	0.0	2.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT1G26110.1 (+	DCP5 - decapping 5	64	0.0	0.0	0.0	34.5	22.1	37.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G16810.1	Protein kinase superfamily protein	47	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	32.1	34.0	23.8
AT2G06050.1 (+	OPR3, DDE1 - oxophytodienoate-reductase 3	43	29.7	25.5	19.4	0.0	0.0	0.0	0.0	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G22840.1	CYTC-1, ATCYTC-A - CYTOCHROME C-1	12	7.2	21.2	15.8	6.8	0.0	7.2	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G27820.1	PD1, ADT3 - prephenate dehydratase 1	46	0.0	0.0	0.0	24.2	8.0	14.5	0.0	0.0	0.0	15.0	26.8	27.0
AT3G09500.1	Ribosomal L29 family protein	14	14.8	22.9	14.9	9.3	25.0	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29040.1	RPT2a - regulatory particle AAA-ATPase 2A	49	0.0	0.0	0.0	32.9	28.6	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G74260.1	PUR4 - purine biosynthesis 4	154	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	75.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G19760.1	PFN1, PRF1 - profilin 1	14	24.9	14.1	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	19.2	0.0	0.0	0.0
AT4G00570.1	NAD-ME2 - NAD-dependent malic enzyme 2	67	12.5	21.2	11.1	0.0	0.0	0.0	25.2	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G24420.1 (+	DNA repair ATPase-related	50	0.0	0.0	0.0	13.6	20.8	0.0	0.0	0.0	0.0	24.1	0.0	25.8
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	66	0.0	0.0	0.0	134.7	49.0	105.9	43.1	60.8	0.0	0.0	0.0	19.3
AT3G63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	61	0.0	0.0	0.0	21.6	4.0	7.2	0.0	0.0	0.0	31.1	0.0	35.3
AT2G27600.1	SKD1, VPS4, ATSKD1 - AAA-type ATPase family protein	49	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0	4.0	0.0	0.0
AT2G39080.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	38	22.2	24.7	30.7	0.0	0.0	0.0	0.0	27.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	19	0.0	0.0	0.0	28.6	37.2	29.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone bindi	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0
AT1G75330.1	OTC - ornithine carbamoyltransferase	41	18.6	24.7	7.4	0.0	0.0	0.0	14.1	2.2	24.0	0.0	0.0	0.0
AT4G14160.3 (+	Sec23/Sec24 protein transport family protein	69	0.0	0.0	0.0	19.0	8.0	7.2	0.0	0.0	0.0	39.2	12.6	0.0
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	21	0.0	0.0	0.0	15.8	12.1	8.1	0.0	0.0	0.0	30.1	22.5	12.8
AT1G15140.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	32	15.7	14.1	11.2	0.0	0.0	0.0	22.4	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G29410.1 (+	Ribosomal L28e protein family	16	8.5	8.0	5.7	21.8	28.3	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive fa	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.3	3.5	68.3	0.0	0.0	0.0
AT2G44120.1 (+	Ribosomal protein L30/L7 family protein	28	0.0	14.9	0.0	27.7	49.3	42.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G55260.1 (+	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamil	25	0.0	0.0	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	39.5	0.0	0.0	0.0
AT2G14880.1	SWIB/MDM2 domain superfamily protein	16	15.3	14.9	29.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.1	0.0	0.0
AT2G42590.1 (+	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.8	0.0	0.0	36.2	0.0	34.1
AT5G16290.1 (+	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	52	0.0	0.0	0.0	24.2	20.6	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	15	0.0	0.0	0.0	17.1	19.5	19.9	0.0	0.0	0.0	34.1	7.6	8.4
AT4G39680.1 (+	SAP domain-containing protein	69	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.8	0.0	64.5	0.0	0.0	0.0
AT4G02080.1	ASAR1, ATSARA1C, ATSAR2, SAR2 - secretion-associated RAS super family 2	22	0.0	0.0	0.0	10.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G24180.1	IAR4 - Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	43	30.8	32.6	42.8	0.0	0.0	0.0	2.6	10.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53970.1	proteasome inhibitor-related	32	0.0	0.0	0.0	34.5	29.1	28.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G61130.1	PDCB1 - plasmodesmata callose-binding protein 1	20	25.8	17.6	15.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT2G38140.1	PSRP4 - plastid-specific ribosomal protein 4	13	0.0	0.0	1.9	30.3	21.7	20.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13120.1 (+	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	21	5.9	25.6	23.2	4.1	1.9	15.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23540.1	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	34	0.0	0.0	0.0	29.3	37.4	25.3	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	58	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.5	0.0	0.0	13.0	39.5	0.0
AT5G11680.1	unknown protein	23	0.0	0.0	0.0	31.9	25.6	39.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G27850.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	21	0.0	0.0	0.0	77.9	71.3	73.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G18240.1 (+	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.9	97.4	55.0
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	28	69.5	122.4	74.4	0.0	85.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G05730.1	Encodes a defensin-like (DEFL) family protein.	10	15.8	7.1	11.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G59320.1	LTP3 - lipid transfer protein 3	12	9.0	12.3	26.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT2G41430.1 (+	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	18	0.0	0.0	0.0	0.0	18.4	10.9	0.0	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0
AT3G07660.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	90	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	12.0	40.6	51.1
AT1G36280.1 (+	L-Aspartase-like family protein	59	0.0	17.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	73.0	36.0	0.0	0.0	0.0
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.0	36.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G06130.1 (+	GLX2-4 - glyoxalase 2-4	37	26.0	38.8	31.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G28840.1 (+	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	43	7.6	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	22.4	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT5G51300.1 (+	splicing factor-related	87	0.0	0.0	0.0	0.0	14.5	0.0	10.4	0.0	29.9	16.1	4.9	0.0
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	30	14.3	0.0	0.0	32.0	20.2	14.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G17710.1 (+	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	26.1	39.4	80.9
AT5G15970.1	KIN2, COR6.6 - stress-responsive protein (KIN2) / stress-induced protein (KIN2)	7	16.7	23.9	27.9	0.0	0.0	3.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT2G19520.1	FVE, ACG1, MSI4, NFC4, NFC04, ATMSI4 - Transducin family protein / WD-40 re	56	18.6	14.1	22.3	0.0	0.0	0.0	18.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G16720.1 (+	Ribosomal protein L23/L15e family protein	24	0.0	0.0	0.0	34.6	24.8	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G22200.2 (+	POP2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	56	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	35.5	17.5	9.6	0.0	0.0	0.0
AT1G43190.1 (+	PTB3 - polypyrimidine tract-binding protein 3	48	0.0	0.0	0.0	20.4	22.9	26.2	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0
AT3G27530.1	GC6, MAG4 - golgin candidate 6	102	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	52.1	58.1
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	103	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	50.1	55.0	79.5
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	28	0.0	0.0	0.0	6.8	9.1	0.0	14.8	2.3	21.7	0.0	0.0	0.0
AT3G59870.1	unknown protein	32	0.0	0.0	0.0	32.8	16.0	22.5	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G03890.1 (+	FMN binding	35	31.9	18.5	42.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G61140.1	FUS6, ATFUS6, CSN1, COP11, EMB78, ATSK31, SK31 - 26S proteasome, regulato	51	0.0	0.0	0.0	13.8	16.6	14.5	0.0	0.0	0.0	2.0	12.6	2.4
AT1G79830.1 (+	GC5 - golgin candidate 5	108	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.1	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	34.7
ATCG00540.1	PETA - photosynthetic electron transfer A	35	0.0	0.0	0.0	25.0	34.9	28.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42850.1 (+	Thioredoxin superfamily protein	15	25.8	27.3	32.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G21670.1	unknown protein	77	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G17310.2	UGP2 - UDP-glucose pyrophosphorylase 2	52	0.0	4.6	0.0	0.0	0.0	0.0	66.7	165.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G12140.1	ATCYS1, CYS1 - cystatin-1	11	9.1	16.8	16.8	6.7	12.7	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G17860.1	Kunitz family trypsin and protease inhibitor protein	22	9.1	24.7	19.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23900.1	Ribosomal protein L13e family protein	23	0.0	10.6	11.1	26.1	40.7	39.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G78570.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	75	7.6	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	21.1	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G01180.1	AtSS2, SS2 - starch synthase 2	88	0.0	0.0	0.0	20.8	16.8	44.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G40810.1 (+	Cytochrome C1 family	34	0.0	0.0	0.0	0.0	34.0	21.7	0.0	0.0	0.0	23.1	0.0	0.0
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	51.2	12.6	74.1
AT1G47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	28	0.0	0.0	0.0	46.7	25.1	20.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G66100.1	Plant thionin	14	0.0	0.0	14.9	24.3	16.6	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G52920.1	PKP1, PKP-BETA1, PKP2 - plastidic pyruvate kinase beta subunit 1	64	0.0	16.9	16.8	0.0	0.0	0.0	2.1	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G17560.1	BolA-like family protein	20	0.0	10.6	18.6	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	19.1	0.0	0.0	0.0
AT1G78850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	22.8	27.5	0.0	0.0	0.0
AT1G61570.1	TIM13 - translocase of the inner mitochondrial membrane 13	9	0.0	0.0	0.0	33.8	27.1	31.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G17840.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	50.3	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0
AT5G20280.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	117	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	53.2	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6
AT4G13010.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	34	0.0	0.0	15.8	7.0	19.2	28.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G38220.1 (+	Peptidase M20/M25/M40 family protein	48	0.0	5.2	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	32.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G28730.1	Glutaredoxin family protein	19	0.0	10.6	7.4	0.0	0.0	0.0	0.0	30.6	41.9	0.0	0.0	0.0
AT2G35830.1 (+	unknown protein	20	30.5	29.1	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	47	0.0	0.0	0.0	41.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT5G02770.1	unknown protein	23	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.4	18.6	54.0	0.0	0.0	0.0
AT4G25080.1 (+	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	34	0.0	0.0	7.5	0.0	8.0	9.0	0.0	0.0	0.0	16.1	12.6	0.0
AT1G08970.1 (+	HAP5C, NF-YC9 - nuclear factor Y, subunit C9	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.9	0.0	0.0	0.0	0.0	28.1	19.2
AT4G18370.1	DEG5, DEGP5, HHOA - DEGP protease 5	35	14.8	15.0	1.8	17.2	0.0	7.2	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G22060.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	28	13.3	15.0	17.6	0.0	0.0	0.0	0.0	18.4	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00650.1	RPS18 - ribosomal protein S18	12	0.0	0.0	0.0	10.5	30.1	29.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G14910.1 (+	HISN5B - HISTIDINE BIOSYNTHESIS 5B	29	0.0	0.0	0.0	1.6	10.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G09620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	24	18.4	14.1	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	26.2	0.0	0.0	0.0
AT5G52240.1	MSBP1, ATMP1, AtMAPR5 - membrane steroid binding protein 1	24	0.0	0.0	0.0	25.8	15.8	25.3	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G15970.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	8.4	10.8	11.0	0.0	39.5	0.0	0.0	0.0
AT3G12080.1 (+	emb2738 - GTP-binding family protein	73	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	44.1	58.2
AT3G02830.1	ZFN1 - zinc finger protein 1	44	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	14.5	0.0	0.0	2.4	8.0	14.3	34.0
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	58	0.0	0.0	0.0	17.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	26.0	5.1	25.6
AT3G05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	79	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.2	0.0	0.0	24.1	50.4	3.3
AT5G56260.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	18	23.9	21.2	34.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G31570.1	ATGPX2, GPX2 - glutathione peroxidase 2	19	11.9	0.0	34.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	93.6	0.0	0.0	0.0
AT4G13780.1	methionine--tRNA ligase, putative / methionyl-tRNA synthetase, putative / Met	90	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	36.6	27.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G40510.1	Ribosomal protein S26e family protein	15	0.0	0.0	0.0	44.1	0.0	43.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT4G24830.1 (+	arginosuccinate synthase family	54	0.0	5.3	3.8	0.0	0.0	0.0	27.3	26.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	61	7.6	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	26.6	6.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G51560.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	44	0.0	0.0	0.0	20.8	21.9	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29520.1	unknown protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.1	39.9	56.5
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	103	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	56.0	24.4
AT5G03370.1	acylphosphatase family	19	24.2	24.7	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G23570.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	27	22.2	5.4	41.8	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G01050.1 (+	AtPPa1, PPa1 - pyrophosphorylase 1	24	0.0	0.0	0.0	17.4	0.0	0.0	14.1	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G61220.1 (+	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	33	18.4	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	17.6	17.5	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G27960.1 (+	UBC9 - ubiquitin conjugating enzyme 9	17	12.4	0.0	10.0	0.0	0.0	0.0	6.2	33.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11910.1	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	55	0.0	0.0	0.0	28.7	12.1	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G48750.1	CDKA;1, CDC2AAT, CDK2, CDC2, CDC2A, CDKA1 - cell division control 2	34	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT1G24020.1 (+	MLP423 - MLP-like protein 423	17	18.6	7.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	21.9	23.9	0.0	0.0	0.0
AT2G20790.1 (+	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	67	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	9.4
AT5G41520.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	20	0.0	0.0	0.0	9.7	19.7	12.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G65950.1	unknown protein	132	0.0	0.0	0.0	6.8	8.5	7.2	0.0	0.0	0.0	24.1	14.3	19.2
AT2G40765.1	unknown protein	6	0.0	0.0	0.0	10.5	24.8	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33250.1	EIF3K, TIF3K1, ATTIF3K1 - eukaryotic translation initiation factor 3K	26	0.0	0.0	0.0	25.0	20.6	24.3	0.0	0.0	0.0	10.1	0.0	0.0
AT1G13320.1 (+	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	66	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.1	0.0	47.6
AT5G53560.1	ATB5-A, B5 #2, ATCB5-E, CB5-E - cytochrome B5 isoform E	15	0.0	0.0	0.0	18.3	20.6	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	5.1	7.2
AT2G45180.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamil	14	8.9	23.8	10.1	0.0	0.0	0.0	0.0	4.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G34740.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotrans	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.2	25.2	15.8
AT1G60780.1	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	4.0	18.1	0.0	0.0	0.0	24.1	0.0	0.0
AT3G54760.1 (+	dentin sialophosphoprotein-related	86	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.9	50.4	34.7
AT1G56220.3 (+	Dormancy/auxin associated family protein	15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.3	8.7	29.0	0.0	0.0	0.0
AT2G28790.1	Pathogenesis-related thaumatin superfamily protein	27	0.0	0.0	0.0	17.4	16.6	16.2	0.0	0.0	0.0	20.1	0.0	0.0
AT2G17695.1 (+	unknown protein	23	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.1	0.0	16.6
AT1G50170.1	ATSIRB, SIRB - sirohydrochlorin ferrochelatase B	25	21.4	0.0	20.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.3	0.0	0.0	0.0
AT5G06770.1	KH domain-containing protein / zinc finger (CCCH type) family protein	25	0.0	0.0	0.0	29.4	23.6	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G15530.1 (+	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	104	0.0	10.6	0.0	0.0	0.0	0.0	42.5	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00640.1	RPL33 - ribosomal protein L33	8	0.0	0.0	0.0	2.7	8.5	11.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G16460.1 (+	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.1	25.1	46.9
AT1G79500.1 (+	AtkdsA1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	32	20.3	17.8	8.4	0.0	0.0	0.0	0.0	13.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	59	0.0	0.0	0.0	0.0	6.3	0.0	39.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23290.1	PFD5 - prefoldin 5	16	0.0	0.0	0.0	24.2	17.6	36.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G13030.1	unknown protein	71	0.0	0.0	0.0	0.0	1.9	1.7	14.1	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT3G27380.1 (+	SDH2-1 - succinate dehydrogenase 2-1	31	0.0	0.0	0.0	10.2	8.5	18.1	0.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0
AT1G08360.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	24	0.0	0.0	0.0	51.1	30.1	42.5	0.0	75.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G20225.1	Thioredoxin superfamily protein	26	18.6	21.2	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	21.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G35880.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	31.5	40.5
AT1G33680.1	KH domain-containing protein	80	0.0	0.0	0.0	4.5	15.7	34.4	0.0	0.0	0.0	4.8	0.0	0.0
AT3G10520.1	AHB2, GLB2, ARATH GLB2, NSHB2, ATGLB2, HB2 - haemoglobin 2	18	12.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.3	41.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	23	0.0	0.0	0.0	24.5	15.2	17.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G46750.1	AGD9 - ARF-GAP domain 9	44	0.0	0.0	0.0	20.8	14.9	36.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23740.1	RPS11-BETA - ribosomal protein S11-beta	18	0.0	0.0	0.0	68.4	92.2	59.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	14	0.0	0.0	0.0	18.1	21.8	19.0	0.0	0.0	0.0	11.0	0.0	0.0
AT3G56190.1	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	21.1	28.6	35.8
AT2G30410.1 (+	KIS, TFCA - tubulin folding cofactor A (KIESEL)	13	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	1.3	22.8	34.3	0.0	0.0	0.0
AT5G17020.1 (+	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	123	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.1	18.8	28.6
AT4G39150.1 (+	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	38	21.4	15.8	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	14.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G08943.1	ARM repeat superfamily protein	96	0.0	0.0	0.0	16.8	20.9	14.4	0.0	0.0	0.0	12.5	0.0	0.0
AT3G60820.1 (+	PBF1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily pı	25	26.9	22.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G34090.2 (+	unknown protein	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.6	0.0	0.0	8.0	45.4	0.0

AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	59	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	18.7	2.3	0.0	12.2	0.0	7.1
AT2G19750.1 (+	Ribosomal protein S30 family protein	7	0.0	0.0	0.0	16.4	33.1	24.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	44	0.0	0.0	0.0	22.5	20.8	32.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	95	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	56.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G08900.1	arginase	37	41.0	45.8	40.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G12310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	17	0.0	0.0	0.0	14.7	0.0	10.9	0.0	0.0	35.8	0.0	0.0	0.0
AT1G31190.1	IMPL1 - myo-inositol monophosphatase like 1	40	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	28.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19370.1	rhodanese-like domain-containing protein / PPIC-type PPIASE domain-containir	33	0.0	0.0	0.0	38.1	21.6	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G01130.1	unknown protein	6	0.0	0.0	0.0	25.0	25.1	29.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23440.1	FTRA1 - ferredoxin/thioredoxin reductase subunit A (variable subunit) 1	20	7.9	0.0	25.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT4G22150.1	PUX3 - plant UBX domain-containing protein 3	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.8	0.0	78.3	0.0	0.0	0.0
AT4G19710.2	AK-HSDH II, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	100	0.0	0.0	0.0	7.0	8.0	7.2	0.0	0.0	0.0	8.0	12.6	0.0
AT5G03290.1	IDH-V - isocitrate dehydrogenase V	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.1	37.8	25.8
AT5G09900.1	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	51	0.0	0.0	0.0	17.4	9.3	17.2	7.8	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0
AT3G43980.1 (+	Ribosomal protein S14p/S29e family protein	6	9.8	22.9	11.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G21270.1 (+	UFD1 - ubiquitin fusion degradation 1	35	0.0	0.0	0.0	24.2	8.0	15.4	0.0	0.0	0.0	16.2	0.0	2.4
AT5G60160.1	Zn-dependent exopeptidases superfamily protein	52	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76680.1 (+	OPR1, ATOPR1 - 12-oxophytodienoate reductase 1	41	22.3	24.7	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G03760.1	Prefoldin chaperone subunit family protein	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.2	49.1	43.4
AT3G48870.1 (+	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	106	0.0	0.0	0.0	79.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	174.6	162.0	0.0
AT2G02050.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase B18 subunit, putative	12	0.0	0.0	0.0	24.9	26.8	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G37475.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.4	0.0	43.1	0.0	0.0	0.0
AT3G22380.1 (+	TIC - time for coffee	164	0.0	0.0	0.0	18.1	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0	4.9	16.0	6.0
AT1G13270.1 (+	MAP1C, MAP1B - methionine aminopeptidase 1B	40	10.8	1.8	14.7	0.0	0.0	0.0	7.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G26750.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	46	0.0	0.0	0.0	18.9	35.0	20.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G07350.1 (+	Tudor1, AtTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	108	0.0	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	56.0	17.4	13.2	0.0	0.0	0.0
AT2G46900.1	unknown protein	71	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	69.6	6.6
AT1G20960.1 (+	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	247	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.1	38.4	44.3
AT1G64880.1	Ribosomal protein S5 family protein	60	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.9	57.9	38.8
AT1G67700.1 (+	unknown protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G26840.1	SUM1, SUMO 1, SUMO1, ATSUMO1 - small ubiquitin-like modifier 1	11	6.7	7.2	4.7	0.0	0.0	0.0	7.3	12.4	77.7	0.0	0.0	0.0
AT5G45170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	41	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	14.2	2.4	0.0	0.0	0.0
AT3G49680.2 (+	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14660.1 (+	PDF1B, DEF2, ATDEF2 - peptide deformylase 1B	31	23.8	23.9	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	122	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.2	37.3	37.4
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.1	46.1	9.2
AT4G33520.3 (+	PAA1, HMA6 - P-type ATP-ase 1	100	1.8	3.5	3.6	0.0	0.0	0.0	1.4	4.4	4.8	0.0	0.0	0.0
AT5G06060.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	28	0.0	0.0	7.4	0.0	0.0	0.0	11.2	36.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G21640.1 (+	NADK2, ATNADK2 - NAD kinase 2	109	0.0	0.0	0.0	21.5	13.6	12.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G04420.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	46	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.7	29.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G30310.2	FGGY family of carbohydrate kinase	63	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.6	35.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G06850.1 (+	BCE2, LTA1, DIN3 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	53	0.0	0.0	0.0	27.7	29.9	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42070.1	unknown protein	18	0.0	0.0	0.0	27.7	16.6	28.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G10370.1	GST30, ATGSTU17, GST30B, ERD9 - Glutathione S-transferase family protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	31.5	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G10960.1	ATFD1, FD1 - ferredoxin 1	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	56.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G06690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	41	0.0	0.0	0.0	10.2	10.6	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	3.3	25.8
AT3G52730.1	ubiquinol-cytochrome C reductase UQCRX/QCR9-like family protein	8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.1	12.6	38.8
AT2G35390.2 (+	Phosphoribosyltransferase family protein	44	0.0	0.0	0.0	12.3	21.8	18.1	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT1G42480.1 (+	unknown protein	21	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.2	20.1	23.6	0.0
AT2G29960.2 (+	CYP5, ATCYP5, CYP19-4 - cyclophilin 5	21	26.0	21.2	16.7	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G17410.1 (+	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	87	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.6	0.0	0.0	25.2	33.7	0.0
AT5G05780.1	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	35	0.0	0.0	0.0	19.9	12.1	13.6	0.0	0.0	0.0	23.1	0.0	0.0
AT2G17380.1	AP19 - associated protein 19	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.0
AT5G23010.1	MAM1, IMS3 - methylthioalkylmalate synthase 1	55	7.6	0.0	7.4	12.8	16.6	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT1G10200.1	WLIM1 - GATA type zinc finger transcription factor family protein	21	1.7	14.8	15.8	0.0	8.0	0.0	0.0	6.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G56560.1	Plant neutral invertase family protein	70	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.1	0.0	12.8
AT4G27430.1 (+	CIP7 - COP1-interacting protein 7	118	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.8	8.0	34.5	2.4
AT4G23710.1	VHA-G2, VAG2, VATG2 - vacuolar ATP synthase subunit G2	12	0.0	0.0	0.0	20.8	20.8	31.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	36	19.3	17.6	33.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02560.1 (+	Ribosomal protein S7e family protein	22	0.0	0.0	0.0	50.1	0.0	34.3	0.0	16.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43910.1	ATHOL1, HOL1 - HARMLESS TO OZONE LAYER 1	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	44.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G24060.1	Translation initiation factor 3 protein	35	23.1	21.2	23.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G01850.1 (+	SAM-2, MAT2, SAM2, AtSAM2 - S-adenosylmethionine synthetase 2	43	57.3	53.8	89.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G48500.1 (+	PDE312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	79	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	56.7	48.3
AT5G01750.1 (+	Protein of unknown function (DUF567)	19	0.0	0.0	0.0	6.8	8.0	18.1	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	12.8
AT5G10560.1	Glycosyl hydrolase family protein	87	15.7	14.1	16.6	0.0	0.0	0.0	0.0	3.9	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31440.1	SH3 domain-containing protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	12.1	7.2	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0	2.4
AT1G62180.1	APR2, APSR, PRH43, PRH, ATAPR2 - 5'adenylylphosphosulfate reductase 2	51	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	24.1	0.0	16.6
AT3G01340.1 (+	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	33	0.0	0.0	0.0	13.8	16.6	14.5	0.0	0.0	0.0	28.1	0.0	0.0
AT1G18210.1 (+	Calcium-binding EF-hand family protein	18	0.0	0.0	0.0	16.5	13.4	19.9	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH:cytochrome B5 reductase 1	31	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	8.1	0.0	0.0	0.0	21.1	0.0	8.4
AT5G47640.1	NF-YB2 - nuclear factor Y, subunit B2	21	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	63.1	0.0	0.0	20.1
AT2G32080.1 (+	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	32	0.0	0.0	0.0	25.0	14.9	14.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G26667.1 (+	PYR6 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily prote	23	16.3	24.7	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	57	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	25.8
AT4G29590.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	35	0.0	0.0	0.0	10.2	8.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	32	0.0	0.0	0.0	13.8	8.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	13.0
AT1G32160.1	unknown protein	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	16.1	25.2	0.0
AT3G23450.1	unknown protein	35	0.0	0.0	0.0	25.1	10.6	18.1	0.0	0.0	0.0	5.3	0.0	0.0
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	61	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	21.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G17720.1 (+	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	56	0.0	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	0.0	0.0
AT5G09390.1 (+	CD2-binding protein-related	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.2	12.6	58.0
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	38	0.0	0.0	0.0	24.3	12.1	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56910.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 5	16	0.0	0.0	0.0	24.2	12.1	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G26340.1	unknown protein	28	0.0	12.3	33.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G65290.1	mtACP2 - mitochondrial acyl carrier protein 2	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	25.2	0.0
AT1G29260.1	PEX7, ATPEX7 - peroxin 7	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.0	25.2	12.8
AT5G65840.1	Thioredoxin superfamily protein	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	20.1	0.0	22.8
AT4G10060.1	Beta-glucosidase, GBA2 type family protein	104	0.0	0.0	0.0	19.0	0.0	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G00860.1	ATOZI1, AT0ZI1 - Protein of unknown function (DUF1138)	9	0.0	0.0	0.0	10.5	29.9	17.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G77710.1	unknown protein	10	26.2	16.8	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09830.1	Glycinamide ribonucleotide (GAR) synthetase	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G25800.1	PDF1, PR 65, PP2AA2 - protein phosphatase 2A subunit A2	66	0.0	0.0	0.0	25.1	16.6	18.1	10.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G16970.1	AT-AER, AER - alkenal reductase	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.0	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G03070.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	12	0.0	0.0	0.0	19.0	2.0	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53580.1	diaminopimelate epimerase family protein	39	0.0	12.4	0.0	0.0	0.0	0.0	28.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G19830.1	SNF7.2, VPS32 - SNF7 family protein	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.9	107.3	0.0	0.0	0.0
AT5G41670.1 (+	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	49.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G08550.1 (+	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	52	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	41.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G02080.1 (+	transcription regulators	270	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	7.2	0.0	0.0	0.0	8.0	26.8	25.8
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	8.8	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G03300.1	ADK2 - adenosine kinase 2	38	48.0	42.3	18.4	0.0	0.0	0.0	0.0	6.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G32640.1 (+	Sec23/Sec24 protein transport family protein	116	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.9	0.0	25.6
AT5G53140.1	Protein phosphatase 2C family protein	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G14670.1 (+	Endomembrane protein 70 protein family	68	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.3	0.0	0.0	0.0	6.1	18.9	10.5
AT1G02930.1 (+	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	23	5.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G46820.1 (+	PTAC8, TMP14, PSAP, PSI-P - photosystem I P subunit	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.5
AT1G21080.1 (+	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	44	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	7.2	0.0	0.0	0.0	20.9	0.0	0.0

AT1G68560.1	ATXYL1, XYL1, TRG1 - alpha-xylosidase 1	102	7.2	24.7	7.5	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42890.1	ATSCP2, SCP2 - sterol carrier protein 2	14	18.4	21.2	26.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G23400.1	FIB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	30	0.0	0.0	0.0	13.8	24.6	28.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G74070.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	34	22.2	24.7	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G15650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	41	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	23.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G25830.1	YebC-related	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	39.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G11580.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.0	23.1
AT3G25070.1	RIN4 - RPM1 interacting protein 4	23	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	10.0	0.0	3.6
AT1G12000.1	Phosphofructokinase family protein	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.2	9.6	0.0	0.0	0.0
AT5G35590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	27	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	35.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	89	0.0	0.0	0.0	13.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	14.1
AT5G25100.1 (+	Endomembrane protein 70 protein family	74	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.2	30.8	35.9
AT3G47370.1 (+	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	14	0.0	5.4	3.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G20810.1 (+	JMJD5 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily pro	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.2	26.8	40.0
AT4G33580.1 (+	ATBCA5, BCA5 - beta carbonic anhydrase 5	33	22.9	22.9	11.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G44640.1	unknown protein	50	0.0	0.0	0.0	7.0	4.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.9	9.2
AT2G30520.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	9.2	21.2
AT4G02230.1	Ribosomal protein L19e family protein	24	0.0	0.0	0.0	35.5	42.5	56.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19140.1	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	25	0.0	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	18.2	18.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G36130.1	Ribosomal protein L2 family	28	0.0	0.0	84.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G24090.1	Ribosomal protein L35	16	7.6	0.0	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G64460.1 (+	Phosphoglycerate mutase family protein	32	5.2	0.0	9.3	0.0	0.0	0.0	12.7	15.3	2.5	0.0	0.0	0.0
AT2G34310.1 (+	unknown protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.8	0.0	0.0	0.0
AT5G66720.1 (+	Protein phosphatase 2C family protein	44	0.0	0.0	0.0	10.2	19.8	15.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	26	0.0	0.0	0.0	11.0	31.1	68.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G58510.1 (+	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	66	0.0	0.0	0.0	12.8	13.8	19.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G44050.1	COS1 - 6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase / DMRL synthase / lumazine syn	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43945.1	unknown protein	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09640.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	74.6	0.0	3.7	0.0	0.0	0.0
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.6	8.7	20.5	0.0	0.0	0.0
AT1G63970.1 (+	ISPF, MECPS - isoprenoid F	25	7.2	14.1	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT3G15660.1 (+	ATGRX4, GRX4 - glutaredoxin 4	19	0.0	7.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.8	0.0	0.0	23.0	2.5	7.2
AT4G32760.1 (+	ENTH/VHS/GAT family protein	73	0.0	0.0	0.0	20.7	20.6	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G59840.1	unknown protein	10	0.0	0.0	0.0	0.0	20.6	25.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29680.1	Alkaline-phosphatase-like family protein	55	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G27450.1 (+	APT1, ATAPT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.8	8.7	9.6	0.0	0.0	0.0
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	0.0	28.7	0.0	0.0	0.0
AT1G67280.1	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.8	5.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11360.1 (+	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	27	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.9	0.0	28.7	0.0	0.0	0.0
AT5G12250.1	TUB6 - beta-6 tubulin	51	0.0	0.0	0.0	72.6	0.0	30.8	0.0	0.0	0.0	72.9	17.8	78.5
AT2G45810.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	60	0.0	0.0	0.0	1.8	12.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G21130.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	18	40.7	88.8	92.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	60.1	0.0	0.0	0.0
AT1G70580.1 (+	AOAT2, GGT2 - alanine-2-oxoglutarate aminotransferase 2	53	77.9	19.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G21350.1 (+	Thioredoxin superfamily protein	17	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	1.3	21.8	21.4	0.0	0.0	0.0
AT2G21580.1 (+	Ribosomal protein S25 family protein	12	0.0	0.0	0.0	0.0	49.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	70	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.1	29.0	35.9
AT1G22920.1	CSN5A, JAB1, AJH1 - COP9 signalosome 5A	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.7	0.0	0.0	0.0	20.0	0.0	0.0
AT5G64140.1	RPS28 - ribosomal protein S28	7	4.8	13.4	4.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42765.1	unknown protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0
AT4G31120.2	PRMT5 - SHK1 binding protein 1	65	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.0	10.2	8.4
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	167.5	71.2	84.7
AT4G26300.1	emb1027 - Arginyl-tRNA synthetase, class Ic	72	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.2	0.0	13.1	0.0	0.0	0.0
AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family protein	84	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	59.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT1G29470.1 (+	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	87	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	7.9	12.6	12.8
AT5G22510.1	INV-E, At-A/N-InvE - alkaline/neutral invertase	69	0.0	0.0	0.0	17.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	122.2	151.7	192.5
AT5G38060.1	unknown protein	15	1.6	17.6	20.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.3	0.0	0.0	0.0
AT2G05830.1 (+	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	40	5.6	11.4	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G01290.1 (+	unknown protein	109	0.0	0.0	0.0	17.2	19.8	19.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G34970.1	Trimeric LpxA-like enzyme	82	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.1	28.5	42.2
AT4G27520.1	ENODL2, AtENODL2 - early nodulin-like protein 2	35	0.0	0.0	0.0	0.0	20.8	28.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	22	0.0	0.0	0.0	18.0	10.4	17.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G39970.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.2	0.0	20.4	0.0	0.0	0.0
AT5G50810.1	TIM8 - translocase inner membrane subunit 8	9	0.0	0.0	0.0	20.8	0.0	22.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G21160.1 (+	LA RNA-binding protein	91	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G58220.1	TTL - transthyretin-like protein	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.8	0.0	0.0	0.0	16.0	0.0	25.8
AT3G01510.1	LSF1 - like SEX4 1	66	0.0	0.0	0.0	17.4	8.0	7.2	3.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	404	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	72.3	22.1	6.1
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	45	0.0	0.0	0.0	20.8	8.5	9.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G58680.1	MBF1B, ATMBF1B - multiprotein bridging factor 1B	16	18.6	17.6	12.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G39990.1	EIF2, AteIF3f, eIF3F - eukaryotic translation initiation factor 2	32	0.0	0.0	0.0	21.7	3.1	14.6	0.0	0.0	0.0	3.1	0.0	0.0
AT1G13060.1	PBE1 - 20S proteasome beta subunit E1	30	15.7	2.5	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	31.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33650.1 (+	ADL2, DRP3A - dynamin-related protein 3A	90	0.0	0.0	0.0	24.2	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14540.1	unknown protein	59	0.0	0.0	0.0	12.7	12.8	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79650.4 (+	RAD23B - Rad23 UV excision repair protein family	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.3	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT3G14100.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	7.2	0.0	0.0	0.0	17.1	6.0	6.0
AT1G57770.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	62	7.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	9.0
AT3G54170.1	ATFIP37, FIP37 - FKBP12 interacting protein 37	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.8
AT4G31985.1	Ribosomal protein L39 family protein	6	0.0	0.0	0.0	13.8	9.1	16.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G26460.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	70	0.0	0.0	0.0	9.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.1	2.6	0.0
AT3G55750.1	Ribosomal protein L35Ae family protein	13	0.0	0.0	0.0	10.2	18.6	22.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein	61	0.0	0.0	0.0	20.7	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	22	0.0	0.0	0.0	19.9	0.0	5.3	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G21060.1	ATGRP2B, ATCSP4, GRP2B - glycine-rich protein 2B	19	7.2	10.6	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G11170.1 (+	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.3	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0
AT1G15340.1	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.2	0.0	44.1	0.0	0.0	0.0
AT4G15802.1	HSBP, AtHSBP - heat shock factor binding protein	9	0.0	0.0	0.0	14.7	16.6	18.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G20980.1 (+	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7 (eIF-3)	67	0.0	0.0	0.0	20.8	2.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G16780.1	Ribosomal protein L19e family protein	24	0.0	0.0	0.0	31.2	34.2	43.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G38930.1 (+	Ubiquitin fusion degradation UFD1 family protein	35	0.0	0.0	0.0	14.1	5.1	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G72640.1 (+	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	43.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G60980.1 (+	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-R	49	0.0	0.0	0.0	6.8	2.0	7.2	8.6	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT2G27730.1	copper ion binding	12	0.0	0.0	0.0	6.8	8.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G54010.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	43	0.0	0.0	0.0	7.0	16.6	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	116	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	8.0	7.2	25.8
AT3G25770.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	28	0.0	0.0	0.0	23.2	0.0	8.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G66030.1 (+	ATGRIP, GRIP - Golgi-localized GRIP domain-containing protein	90	0.0	0.0	0.0	8.6	16.6	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G22410.1	Class-II DAHP synthetase family protein	58	0.0	0.0	0.0	22.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G23130.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.4	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G39690.1	unknown protein	71	0.0	0.0	0.0	19.0	2.0	24.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.9	30.3	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G66070.1 (+	Translation initiation factor eIF3 subunit	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.2	0.0	20.3	0.0	0.0	0.0
AT2G23820.2	Metal-dependent phosphohydrolase	28	0.0	7.0	13.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.5	0.0	0.0	0.0
AT3G18640.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	76	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.1	3.8	17.7
AT2G45790.1	ATPMM, PMM - phosphomannomutase	28	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	0.0	3.7	0.0	0.0	0.0
AT5G10920.1	L-Aspartase-like family protein	58	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09620.1	ATP binding;leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;AT	123	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	42.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT2G28290.1 (+	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily	390	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.5	18.0	3.3	0.0
AT1G03220.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	46	7.2	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	9.5	0.0	0.0	0.0
AT5G46430.1 (+	Ribosomal protein L32e	15	7.2	17.6	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G01170.1 (+	Protein of unknown function (DUF1138)	9	0.0	0.0	0.0	14.7	18.5	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	31	0.0	0.0	0.0	17.2	8.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	77	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.8	23.4	6.0
AT1G15950.1	CCR1, IRX4, ATCCR1 - cinnamoyl coa reductase 1	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	17.5	7.1	0.0	0.0	0.0
AT3G60600.1	VAP27-1, VAP, (AT)VAP, VAP27 - vesicle associated protein	28	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.9	17.1	40.0
AT3G14290.1	PAE2 - 20S proteasome alpha subunit E2	26	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	10.9	16.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	74	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.1	26.5	29.4
AT1G29700.1	Metallo-hydrolase/oxidoreductase superfamily protein	38	0.0	0.0	0.0	7.7	11.1	11.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G16050.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	57.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G19770.1	ATVPS9A, VPS9A, VPS9 - Vacuolar sorting protein 9 (VPS9) domain	58	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	13.6	0.0	0.0	0.0	10.1	0.0	0.0
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	45	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	22.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G20150.1	unknown protein	9	0.0	0.0	0.0	10.2	8.5	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
ATCG00350.1	PSAA - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	83	0.0	0.0	0.0	4.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.1	0.0	0.0
AT3G52180.1	ATPTPKIS1, DSP4, SEX4, ATSEX4 - dual specificity protein phosphatase (DsPTP1)	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G64130.1	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein	12	2.0	17.7	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G35420.1 (+	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	42.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11930.1 (+	Predicted pyridoxal phosphate-dependent enzyme, YBL036C type	28	13.8	7.0	18.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	108	0.0	0.0	0.0	13.8	18.7	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G14030.1 (+	SBP1 - selenium-binding protein 1	54	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33640.1	unknown protein	10	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	70	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.0	31.5	21.5
AT3G23390.1 (+	Zinc-binding ribosomal protein family protein	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G26110.1 (+	NAP1;1, ATNAP1;1 - nucleosome assembly protein1;1	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	70.2	23.9
AT5G62670.1	AHA11, HA11 - H(+)-ATPase 11	105	0.0	0.0	0.0	33.8	63.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G50370.1	unknown protein	236	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.9	25.1	28.8
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT4G26555.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	23	15.7	15.0	18.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G47390.1	myb-like transcription factor family protein	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	8.0	2.6	0.0
AT1G52690.1 (+	Late embryogenesis abundant protein (LEA) family protein	18	12.6	10.6	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G36160.1	Tyrosine transaminase family protein	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.6	6.7	10.7	0.0	0.0	0.0
AT4G00490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	40.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G06070.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.6	0.0	16.7	0.0	0.0	0.0
AT1G26560.1	BGLU40 - beta glucosidase 40	58	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	12.6	3.6
AT2G40600.1	appr-1-p processing enzyme family protein	27	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.2	0.0	0.0	0.0
AT1G15230.1	unknown protein	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	49.1	0.0	0.0	0.0
AT1G70890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.4	0.0	43.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11840.1 (+	ATGLX1, GLX1 - glyoxalase I homolog	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	56.3	0.0	6.2	0.0	0.0	0.0
AT5G56350.1	Pyruvate kinase family protein	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G07480.1	2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	18	7.6	7.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G50590.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	176	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	9.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G02740.1 (+	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	30	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0
AT4G23850.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.1	22.6	11.2
AT2G37970.1	SOUL-1 - SOUL heme-binding family protein	25	0.0	0.0	0.0	13.8	16.6	21.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G19870.1	iqd32 - IQ-domain 32	87	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	40.8	28.3
AT5G26830.1	Threonyl-tRNA synthetase	81	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.6	8.8	9.5	0.0	0.0	0.0
AT3G23600.1 (+	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.5	5.7	13.2	0.0	0.0	0.0
AT1G62380.1	ACO2, ATACO2 - ACC oxidase 2	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G21445.1	unknown protein	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G17190.1	ubiquitin family protein	57	0.0	0.0	0.0	27.3	0.0	56.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT3G01090.2 (+	AKIN10, KIN10 - SNF1 kinase homolog 10	61	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.1	3.6
AT5G50250.1	CP31B - chloroplast RNA-binding protein 31B	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.4	0.0	12.0	0.0	0.0	0.0
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT4G05420.1 (+	DDB1A - damaged DNA binding protein 1A	121	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0	0.0	0.0	2.5	0.0
AT2G47380.1	Cytochrome c oxidase subunit Vc family protein	7	0.0	0.0	0.0	13.8	16.6	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	59	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	30.3	29.4
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	30	9.5	7.0	3.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G53850.2	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	57	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	1.5	4.5	25.3	0.0	0.0	0.0
AT5G40870.1	ATUK/UPRT1, UKL1, UK/UPRT1 - uridine kinase/uracil phosphoribosyltransferas	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G62940.1 (+	Cysteine proteinases superfamily protein	36	0.0	16.7	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	71	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	187.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G32330.1 (+	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	48	0.0	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	11.9	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT3G47610.1	transcription regulators;zinc ion binding	45	0.0	0.0	0.0	1.6	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G32240.1	unknown protein	149	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	27.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G18250.1	ATCOAD, COAD - 4-phosphopantetheine adenylyltransferase	19	10.8	13.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G80410.1 (+	EMB2753 - tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	102	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G25540.1	CID6 - CTC-interacting domain 6	19	0.0	0.0	0.0	7.9	8.5	1.8	0.0	0.0	0.0	4.2	0.0	0.0
AT3G13990.1 (+	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	92	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.1	0.0	27.6
AT5G23300.1	PYRD - pyrimidine d	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0
AT1G67680.1	SRP72 RNA-binding domain	73	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G18060.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	66	15.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G06610.1	DNA-binding enhancer protein-related	13	12.5	7.1	21.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G25230.1 (+	ROF1, ATFKBP62, FKBP62 - rotamase FKBP 1	61	0.0	3.5	4.6	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G55610.1	P5CS2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	79	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	70.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G74910.3 (+	ADP-glucose pyrophosphorylase family protein	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31160.1	HINT 2 - HISTIDINE TRIAD NUCLEOTIDE-BINDING 2	20	7.6	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G62810.1	PEX14, ATPEX14, PED2 - peroxin 14	56	0.0	0.0	0.0	13.8	20.8	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53980.1 (+	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamil	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT4G28706.4 (+	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.0	0.0	0.0	0.0
AT5G54440.1	CLUB, AtTRS130 - CLUB	141	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.5	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4	20.4
AT4G15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	65	0.0	0.0	0.0	2.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT1G76890.2	GT2, AT-GT2 - Duplicated homeodomain-like superfamily protein	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.2	6.0	23.9
AT1G53850.1 (+	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	26	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G32810.1	BGAL9 - beta galactosidase 9	99	1.8	6.1	3.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G39660.1	AGT2 - alanine:glyoxylate aminotransferase 2	52	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G32720.1 (+	AtLa1, La1 - La protein 1	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G19240.1	Glycoprotein membrane precursor GPI-anchored	21	0.0	0.0	19.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.0	0.0	0.0	0.0
AT1G72160.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.5	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G59920.1	ATGDI2, GDI2 - RAB GDP dissociation inhibitor 2	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G48860.1 (+	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G11820.1	SYP121, AT-SYR1, ATSYP121, SYR1, ATSYR1, PEN1 - syntaxin of plants 121	38	0.0	0.0	0.0	0.0	12.5	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G67360.1 (+	Rubber elongation factor protein (REF)	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	12.3	15.4
AT3G13290.1	VCR - varicose-related	146	0.0	0.0	0.0	23.9	0.0	24.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G07360.1 (+	SH3 domain-containing protein	130	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.0	16.2	15.7
AT2G30950.1	VAR2, FTSH2 - FtsH extracellular protease family	74	0.0	0.0	0.0	7.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G16830.1	TPR2 - TOPLESS-related 2	125	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.1	0.0	0.0	0.0	36.2	0.0	7.2
AT5G42740.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	62	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	26.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protein	20	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.1	0.0	21.9
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	34	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	10.9	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0
AT5G60540.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	27	0.0	0.0	0.0	5.1	16.6	7.2	0.0	0.0	0.0	4.1	0.0	0.0
AT2G26210.1 (+	Ankyrin repeat family protein	20	0.0	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4	0.0	0.0	0.0
AT1G13020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	59	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	0.0	25.2	13.0
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	30	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0

AT4G27585.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	45	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	5.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02760.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	98	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	13.0	14.3	0.0	0.0	0.0
AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein	93	0.0	0.0	0.0	7.0	8.5	22.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.2	0.0	26.5	0.0	0.0	0.0
AT2G31725.1	Eukaryotic protein of unknown function (DUF842)	17	0.0	0.0	0.0	20.8	0.0	15.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G63860.1	UVR8 - Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29120.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	35	0.0	2.6	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G05350.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.1	0.0	16.5	0.0	0.0	0.0
AT3G16640.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G20500.1	Glutaredoxin family protein	15	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42970.1	COP8, FUS4, EMB134, COP14, CSN4, FUS8, ATS4 - Proteasome component (PCI)	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6	0.0	0.0	0.0	5.9	0.0	16.3
AT3G11910.1 (+	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	131	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.1	18.8	0.0
AT1G15280.1 (+	CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	63	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.4	4.8
AT5G65720.1	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	50	0.0	7.1	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G17160.1 (+	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	40	7.2	10.6	11.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G44100.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	16	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G06210.1	ENTH/VHS/GAT family protein	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.8	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0
AT1G53310.1 (+	ATPPC1, PEPC1, ATPEPC1, PPC1 - phosphoenolpyruvate carboxylase 1	110	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	71.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G14990.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G07390.1	AIR12 - auxin-responsive family protein	28	0.0	0.0	0.0	13.8	16.6	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53560.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	39	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G64370.1	BETA-UP, PYD3 - beta-ureidopropionase	46	0.0	0.0	0.0	22.6	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G04800.1	ATMSRB3, MSRB3 - methionine sulfoxide reductase B3	19	0.0	0.0	11.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G18860.1 (+	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	84	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	12.9	0.0	0.0
AT3G54350.1 (+	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	78	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	37.8	19.0
AT3G10920.1 (+	MSD1, MEE33, ATMSD1 - manganese superoxide dismutase 1	25	6.2	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	8.3	6.5	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G33340.1 (+	MAC3B - MOS4-associated complex 3B	57	0.0	0.0	0.0	0.0	6.0	10.8	0.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0
AT1G01800.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	32	0.0	0.0	8.4	0.0	0.0	0.0	1.3	2.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G10390.1 (+	Nucleoporin autopeptidase	106	0.0	0.0	0.0	0.0	20.6	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G31300.1 (+	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily p	25	0.0	0.0	0.0	0.0	17.3	5.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G55805.1	BolA-like family protein	18	5.3	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G36390.1 (+	Co-chaperone GrpE family protein	31	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	48.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G35620.1	LSP1, EIF(ISO)4E, LSP, EIF4E2, eIFiso4E - Eukaryotic initiation factor 4E protein	23	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	7.2	0.0	0.0	0.0	4.2	0.0	0.0
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	50	0.0	0.0	0.0	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	67.1	90.7
AT5G24460.1	unknown protein	33	10.1	0.0	9.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G56680.1	SYNC1, EMB2755, SYNC1 ARATH - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetas	64	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G49800.1	BSD domain-containing protein	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.9	12.6	17.9
AT5G37600.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	59.8	0.0	17.9	0.0	0.0	0.0
AT5G38640.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	69	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.1	0.0	0.0
AT4G04040.1	MEE51 - Phosphofructokinase family protein	63	0.0	2.6	0.0	0.0	0.0	0.0	10.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	67	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	47.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G13420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75990.1	PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	76.5
AT5G16820.1 (+	HSF3, HSFA1B, ATHSFA1B, ATHSF3 - heat shock factor 3	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G01310.1 (+	Phosphoglycerate mutase-like family protein	120	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	23.1
AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	90	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	21.1	0.0
AT3G05020.1	ACP1, ACP - acyl carrier protein 1	15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT4G34120.1	LEJ1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	26	0.0	0.0	0.0	1.7	0.0	9.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42790.1	PAF1, ATPSM30, ARS5 - proteasome alpha subunit F1	30	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	16.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G42910.1	Phosphoribosyltransferase family protein	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	73	0.0	0.0	0.0	7.6	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G19820.1 (+	DWF1, DIM, EVE1, DIM1, CBB1 - cell elongation protein / DWARF1 / DIMINUTO	65	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	27.1
AT3G17880.1	HIP, ATTDX, ATHIP2, TDX - tetraticopeptide domain-containing thioredoxin	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.9	0.0	0.0	12.0	8.9	7.2
AT2G25430.1	epsin N-terminal homology (ENTH) domain-containing protein / clathrin assembl	72	0.0	0.0	0.0	19.0	2.2	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT3G01290.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	31	0.0	0.0	0.0	0.0	16.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G50320.1	ATHX, ATX, THX - thioredoxin X	20	0.0	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G45140.1	PVA12 - plant VAP homolog 12	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.2	12.0	19.3	0.0
AT1G76450.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	27	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G11175.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	16	0.0	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02770.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	18	7.2	7.1	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G50670.1	U1-70K, U1SNRNP - U1 small nuclear ribonucleoprotein-70K	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	25.2	32.2
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	55.2	0.0	0.0	0.0	0.0	32.0
AT5G13260.1	unknown protein	60	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.1	0.0	32.2
AT1G50570.1 (+	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	5.7	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT2G26540.1	HEMD, UROS, ATUROS, ATDUF3, DUF3 - uroporphyrinogen-III synthase family p	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	60	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29480.1	Mitochondrial ATP synthase subunit G protein	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.2	3.4	18.2
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	58	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	26.0	5.1	6.0
AT1G30630.1	Coatomer epsilon subunit	33	0.0	0.0	0.0	5.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.2	0.0	0.0
AT4G28470.1	RPN1B, ATRPN1B - 26S proteasome regulatory subunit S2 1B	98	0.0	0.0	0.0	5.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G30360.1	ERD4 - Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)	82	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT2G35010.1 (+	ATO1, TO1 - thioredoxin O1	21	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.9	0.0	0.0	0.0
AT1G77490.1	TAPX - thylakoidal ascorbate peroxidase	46	16.0	0.0	10.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G21360.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	37	18.4	0.0	10.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G35810.1	unknown protein	22	0.0	14.1	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G15040.1	unknown protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	19.7	0.0	0.0	0.0
AT4G33090.1	APM1, ATAPM1 - aminopeptidase M1	98	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14030.1 (+	translocon-associated protein beta (TRAPB) family protein	21	0.0	0.0	0.0	1.8	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G39460.1 (+	SAMC1, SAMT1 - S-adenosylmethionine carrier 1	35	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G05625.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	28.3
AT5G28740.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	107	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	8.5	22.4
AT1G14000.1	VIK - VH1-interacting kinase	49	0.0	0.0	0.0	17.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6
AT5G09850.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.9	25.2	16.4
AT2G45470.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	43	0.0	0.0	0.0	0.0	20.6	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	34	0.0	0.0	0.0	2.7	2.1	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0
AT3G03380.1	DegP7 - DegP protease 7	120	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.6	6.0
AT5G10240.1 (+	ASN3 - asparagine synthetase 3	65	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	84.4	44.0	0.0
AT3G06510.2 (+	SFR2 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.9	0.0	2.4
AT1G07480.1 (+	Transcription factor IIA, alpha/beta subunit	41	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.1	9.7
AT5G04740.1	ACT domain-containing protein	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G04360.1	ATPU1, ATLDA, PU1, LDA - limit dextrinase	107	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	23.6	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G48600.1 (+	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferase	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G22300.3 (+	GRF10, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	35.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G18390.1	EMB1865 - CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	96	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.3	32.4
AT1G03870.1	FLA9 - FASCICLIN-like arabinoogalactan 9	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G34430.1 (+	CHB3, ATSWI3D - DNA-binding family protein	108	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.1	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT2G38280.1 (+	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putativ	95	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0
AT5G42950.1	GYF domain-containing protein	188	0.0	0.0	0.0	7.9	0.0	11.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G63980.1	SAL1, ALX8, ATSAL1, HOS2, FRY1, RON1 - Inositol monophosphatase family prot	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23860.1 (+	TUB8 - tubulin beta 8	51	0.0	0.0	0.0	13.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	195.0	0.0	0.0
ATCG00840.1 (+	RPL23.1, RPL23 - ribosomal protein L23.1	11	0.0	0.0	0.0	6.7	3.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G01160.1 (+	GIF2 - GRF1-interacting factor 2	21	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G66120.2	3-dehydroquinate synthase, putative	48	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G18820.1	ATRABG3F, ATRAB7B, RAB71, RABG3F, RAB7B - RAB GTPase homolog G3F	23	0.0	0.0	0.0	7.0	8.5	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G34590.1	Transketolase family protein	44	0.0	0.0	0.0	37.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43100.1	IPMI2, ATLEUD1 - isopropylmalate isomerase 2	27	14.3	0.0	32.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0
AT1G04710.1	KAT1, PKT4 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 4	47	0.0	0.0	22.5	0.0	0.0	0.0	0.0	18.6	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75270.1	DHAR2 - dehydroascorbate reductase 2	23	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT4G39960.1	Molecular chaperone Hsp40/DnaJ family protein	48	0.0	0.0	0.0	17.2	8.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G15000.1	cobalt ion binding	43	0.0	0.0	0.0	7.0	8.0	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G16210.1	unknown protein	27	5.3	0.0	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G73530.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	20	7.6	10.6	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29220.1	PFK1 - phosphofructokinase 1	52	0.0	0.0	0.0	19.1	0.0	0.0	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19050.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.1	0.0	0.0
AT5G07020.1	proline-rich family protein	24	0.0	0.0	0.0	0.0	20.8	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	86	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.8	0.0	19.2
AT5G11450.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	33	0.0	0.0	22.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43970.1 (+	RNA-binding protein	61	0.0	0.0	0.0	4.2	8.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G38460.1	GGR - geranylgeranyl reductase	35	0.0	10.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G80230.1	Rubredoxin-like superfamily protein	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19900.1	PRLI-interacting factor, putative	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	25.2	2.4
AT1G13960.1 (+	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.3	0.0
AT4G37830.1	cytochrome c oxidase-related	11	0.0	0.0	0.0	5.9	9.5	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G34470.1 (+	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	47.1	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G69800.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) protein	48	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT4G12770.2 (+	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	98	0.0	0.0	0.0	0.0	2.2	9.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G26880.1 (+	Ribosomal protein L34e superfamily protein	14	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	16.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0
AT5G14220.1 (+	HEMG2, MEE61, PPO2 - Flavin containing amine oxidoreductase family	56	0.0	0.0	0.0	7.7	5.3	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G54500.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	22	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G26900.1	AT-HF, HISN4 - HIS HF	64	11.6	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G51120.1	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	23.2	0.0
AT1G08370.1	DCP1, ATDCP1 - decapping 1	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G56950.1	NFA03, NFA3, NAP1;3 - nucleosome assembly protein 1;3	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	55.4	0.0
AT1G60550.1	ECHID, DHNS - enoyl-CoA hydratase/isomerase D	37	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G66410.1 (+	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	17	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	106.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G58590.1	RANBP1 - RAN binding protein 1	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	34.3	0.0	48.1	0.0	0.0	0.0
AT4G37000.1	ACD2, ATRCCR - accelerated cell death 2 (ACD2)	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33760.1	tRNA synthetase class II (D, K and N) family protein	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G27820.1	ATMDAR4, MDAR4 - monodehydroascorbate reductase 4	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.1	0.0	0.0
AT3G54360.1	zinc ion binding	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.3	13.0
AT3G05090.1 (+	LRS1 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	82	0.0	0.0	0.0	7.0	16.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G22475.1 (+	GEM - GRAM domain family protein	32	0.0	0.0	0.0	13.8	4.0	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G55250.1	unknown protein	31	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.4
AT1G21065.1	unknown protein	24	4.2	4.4	3.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G04770.1	ATABC1, LAF6, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	62	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	22.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G58080.1	ATATP-PRT1, HISN1A, ATP-PRT1 - ATP phosphoribosyl transferase 1	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G50900.1	GDC1 - Ankyrin repeat family protein	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	29	0.0	0.0	0.0	1.8	8.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G16760.1 (+	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	74	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.9	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT1G53280.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G49030.3 (+	OVA2 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	143	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G55040.1	GSTL2 - glutathione transferase lambda 2	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	25.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT1G74690.1	IQD31 - IQ-domain 31	65	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	0.0
AT2G38010.1 (+	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase	83	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14240.1	Thioredoxin superfamily protein	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.1	6.0	0.0
AT4G32915.1	unknown protein	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT3G53870.1	Ribosomal protein S3 family protein	27	0.0	0.0	0.0	0.0	25.1	49.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G43710.1 (+	SSI2, FAB2 - Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G50940.1	ETFALPHA - electron transfer flavoprotein alpha	38	0.0	7.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT2G44620.1	MTACP-1, MTACP1 - mitochondrial acyl carrier protein 1	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.2
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	43	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G67030.1	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (AB	74	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.0
AT2G39390.1	Ribosomal L29 family protein	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56430.1	unknown protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	13.0
AT1G10840.1 (+	TIF3H1 - translation initiation factor 3 subunit H1	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G23060.1	CaS - calcium sensing receptor	41	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	4.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G60940.1 (+	SNRK2-10, SNRK2.10, SRK2B - SNF1-related protein kinase 2.10	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	38.8
AT1G66680.1	AR401 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily p	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G05530.1	IBR1, SDRA - indole-3-butyric acid response 1	27	11.4	0.0	7.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G02740.1	Ribosomal protein S24e family protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	2.2	16.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G24800.1 (+	MA3 domain-containing protein	77	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G42680.1	MBF1A, ATMBF1A - multiprotein bridging factor 1A	16	0.0	0.0	22.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G22640.1	emb1211 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-cont	100	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.1	20.2
AT3G16270.1	ENTH/VHS family protein	75	0.0	0.0	0.0	1.6	8.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G47810.1 (+	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily	21	0.0	0.0	0.0	1.8	8.5	5.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G57490.1	VDAC4, ATVDAC4 - voltage dependent anion channel 4	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G46020.1	CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Casein kinase substrate, phosphoprotein PP28 (	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.6	6.0
AT5G17530.1 (+	phosphoglucosamine mutase family protein	63	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G29530.1	unknown protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0
AT2G22450.1	riboflavin biosynthesis protein, putative	52	0.0	0.0	0.0	27.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G02130.1	ATRAB1B, ARA5, ARA-5, ATRABD2A, RABD2A, RA-5 - RAS 5	23	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G55210.1	unknown protein	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	15.5	0.0	0.0	0.0
AT4G01690.2 (+	PPOX - Flavin containing amine oxidoreductase family	54	0.0	0.0	0.0	7.6	0.0	6.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G49240.1	ACT8 - actin 8	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	52.8	0.0	0.0
AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protein	15	0.0	0.0	0.0	12.2	0.0	6.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G18800.1 (+	Cox19-like CHCH family protein	12	0.0	0.0	0.0	4.5	0.0	3.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G20110.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	65	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G46540.1	unknown protein	7	0.0	0.0	0.0	7.9	9.6	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	137	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT1G69295.1	PDCB4 - plasmodesmata callose-binding protein 4	22	0.0	0.0	7.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT3G58990.1	IPMI1 - isopropylmalate isomerase 1	27	20.1	21.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G42210.1 (+	ATOEP16-3, OEP16-3 - Mitochondrial import inner membrane translocase subu	17	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31800.1	CYP97A3, LUT5 - cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	67	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.2	0.0	0.0
AT2G41220.1	GLU2 - glutamate synthase 2	178	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.2	15.4	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G30870.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G44500.1 (+	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	27	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	5.5	0.0	2.5	0.0
AT5G35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	27	0.0	0.0	0.0	21.3	30.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G05010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	37	0.0	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G60810.2 (+	unknown protein	24	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G61690.1	phosphoinositide binding	129	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	9.6
AT2G33380.1 (+	RD20, CLO-3 - Caleosin-related family protein	27	0.0	0.0	0.0	4.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.2	5.0	2.4
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	270.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G24560.1	unknown protein	77	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.8	0.0
AT5G28020.1 (+	CYSD2, ATCYSD2 - cysteine synthase D2	34	0.0	12.3	17.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G22190.1 (+	IQD5 - IQ-domain 5	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.0	0.0	12.8
AT4G21150.1 (+	HAP6 - ribophorin II (RPN2) family protein	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	12.8
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.6	13.0
AT3G10350.1 (+	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	45	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G23760.1	Cox19-like CHCH family protein	13	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G14410.1	ATWHY1, PTAC1, WHY1 - ssDNA-binding transcriptional regulator	29	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	34	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0	8.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	53	0.0	0.0	0.0	17.2	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G05385.1	LPA19, Psb27-H1 - photosystem II 11 kDa protein-related	22	0.0	0.0	18.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G59610.1	ADL3, CF1, DRP2B, DL3 - dynamin-like 3	100	0.0	0.0	0.0	14.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G51710.1 (+	UBP6, ATUBP6 - ubiquitin-specific protease 6	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	26.2	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G71730.1	unknown protein	20	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0
AT3G06350.1	EMB3004, MEE32 - dehydroquinate dehydratase, putative / shikimate dehydrog	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G10740.1	ASD1, ARAF1, ARAF, ATASD1 - alpha-L-arabinofuranosidase 1	75	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G62390.1	Phox2 - Octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein / tetrat	83	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G75750.1 (+	GASA1 - GAST1 protein homolog 1	11	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G36130.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	18	0.0	0.0	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G29370.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	91	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	65.3	21.7	19.5
AT1G78680.1 (+	ATGGH2, GGH2 - gamma-glutamyl hydrolase 2	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G05970.1	LACS6, ATLACS6 - long-chain acyl-CoA synthetase 6	77	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G65430.1 (+	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	28	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	46.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79440.1	ALDH5F1, SSADH1, SSADH - aldehyde dehydrogenase 5F1	57	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	26	0.0	0.0	0.0	1.7	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G23460.1	Adaptin family protein	99	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	7.1
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	28	0.0	0.0	0.0	6.8	8.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G02480.1	AAA-type ATPase family protein	137	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.3	0.0	0.0	0.0
AT1G54100.1 (+	ALDH7B4 - aldehyde dehydrogenase 7B4	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.1	9.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G36210.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	81	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
AT1G29990.1	PFD6 - prefoldin 6	15	0.0	3.4	9.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G16190.1	RAD23A - Rad23 UV excision repair protein family	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.4	3.4
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	22	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT3G10050.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	65	0.0	0.0	0.0	0.0	7.9	10.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G27860.1	AXS1 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	21.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G44100.1 (+	ATGDI1, AT-GDI1, GDI1 - guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibit	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	32.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G54060.1	ASIL1 - 6B-interacting protein 1-like 1	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT3G14010.1 (+	CID4 - CTC-interacting domain 4	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.2	3.8	2.4
AT3G60370.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	27	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0
AT2G35530.1	bZIP16, AtbZIP16 - basic region/leucine zipper transcription factor 16	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.8
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	13.0
AT3G21220.1	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEK5, MEK5 - MAP kinase kir	38	0.0	0.0	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G60190.1	ADL4, ADLP2, EDR3, DRP1E, ADL1E, DL1E - DYNAMIN-like 1E	70	0.0	0.0	0.0	1.8	2.2	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42080.1 (+	ADL1, ADL1A, AG68, DRP1A, RSW9, DL1 - dynamin-like protein	68	0.0	0.0	0.0	3.6	5.0	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G08450.1 (+	CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Histone deacetylation protein Rxt3 (InterPro:IP	104	0.0	0.0	0.0	12.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G25150.2 (+	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-R	64	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0
AT2G16950.1 (+	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	100	0.0	0.0	0.0	21.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G56460.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	17.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G10510.1	emb2004 - RNI-like superfamily protein	65	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.8	0.0	4.8
AT1G02280.1 (+	TOC33, ATTOC33, PPI1 - translocon at the outer envelope membrane of chlorop	33	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G24050.1	RNA-processing, Lsm domain	20	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G38510.1 (+	ATPase, V1 complex, subunit B protein	54	0.0	0.0	0.0	116.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13060.1 (+	ECT5 - evolutionarily conserved C-terminal region 5	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G32551.2 (+	LUG - LisH dimerisation motif;WD40/YVTN repeat-like-containing domain	107	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G20935.1	unknown protein	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G20920.2 (+	EIF2 BETA - eukaryotic translation initiation factor 2 beta subunit	31	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G47590.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	35	0.0	7.0	7.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G12480.1	NF-YC11 - nuclear factor Y, subunit C11	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.9	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT1G20160.1 (+	ATSBT5.2 - Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	81	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.0	0.0	0.0	0.0
AT5G14590.1	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase family protein	54	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G59870.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type trar	165	0.0	0.0	0.0	10.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT1G21600.1 (+	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.0	0.0	2.4

AT2G41530.1	ATSFGH, SFGH - S-formylglutathione hydrolase	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G05910.1 (+	Pectinacetylesterase family protein	46	0.0	0.0	7.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G09890.1	Ankyrin repeat family protein	22	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G42490.1	Copper amine oxidase family protein	87	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	2.6	2.4	
AT2G14260.2	PIP - proline iminopeptidase	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G52580.1 (+	RabGAP/TBC domain-containing protein	78	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0	
AT2G22250.1	ATAAT, AAT, MEE17 - aspartate aminotransferase	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G32920.1	ATPDIL2-3, PDI9, ATPDI9, PDIL2-3 - PDI-like 2-3	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	28.8	
AT3G16140.1	PSAH-1 - photosystem I subunit H-1	15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G58110.1 (+	unknown protein	90	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.6	9.7	
AT2G20610.2 (+	SUR1, HLS3, RTY, ALF1, RTY1 - Tyrosine transaminase family protein	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G63620.1 (+	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	45	0.0	0.0	19.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G02170.1	LOL3, ATMCPB1, MCP1B, ATMC1, MC1 - metacaspase 1	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G66970.1 (+	SVL2 - SHV3-like 2	84	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G23900.1 (+	GAMMA-ADAPTIN 1, Gamma-ADR - gamma-adaptin 1	96	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.0	0.0	0.0	
AT3G48860.2 (+	unknown protein	64	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0	
AT3G51750.1 (+	unknown protein	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0	
AT3G04870.1 (+	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	62	0.0	0.0	0.0	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT4G34030.1	MCCB - 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase	64	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G62640.1 (+	KAS III - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase III	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	2.3	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G18170.1	GDH1 - glutamate dehydrogenase 1	45	0.0	0.0	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	4.5	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G13200.1	EMB2769 - Cwf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	27	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	28.0	0.0	
AT5G59290.1	UXS3, ATUXS3 - UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	39	0.0	5.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.5	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT4G31180.1 (+	Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	63	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	66	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G29550.1	TUB7 - tubulin beta-7 chain	51	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	93.9	0.0	0.0	
AT3G08780.2 (+	unknown protein	34	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G08780.1	AIP3, PFD4 - ABI3-interacting protein 3	15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0	
AT5G50370.1	Adenylate kinase family protein	27	0.0	0.0	0.0	10.5	0.0	10.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G48520.1	GATB - GLU-ADT subunit B	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	82	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	4.9	0.0	
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G39050.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	36	0.0	0.0	0.0	0.0	8.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G55400.1	OVA1 - methionyl-tRNA synthetase / methionine--tRNA ligase / MetRS (cpMetR	69	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G12040.1	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase family protei	40	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G17510.1	unknown protein	43	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	20.1	0.0	0.0	
AT4G34230.2 (+	CAD5, CAD-5 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 5	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G12110.1	ACT11 - actin-11	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	29.2	
AT5G13370.1	Auxin-responsive GH3 family protein	67	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G24100.1	UGT74B1 - UDP-glucosyl transferase 74B1	51	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G80460.1 (+	NHO1, GLI1 - Actin-like ATPase superfamily protein	56	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	16.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT4G26510.1 (+	UKL4 - uridine kinase-like 4	53	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT4G38370.1	Phosphoglycerate mutase family protein	25	3.6	0.0	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G34860.1 (+	EDA3 - DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	20	2.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G48690.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	36	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G21250.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G26710.1	Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ic	81	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT3G07090.1	PPPDE putative thiol peptidase family protein	29	0.0	0.0	0.0	5.4	0.0	6.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G16890.3 (+	UBC36 - ubiquitin-conjugating enzyme 36	18	0.0	0.0	7.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT5G66530.1 (+	Galactose mutarotase-like superfamily protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT1G17980.1 (+	PAPS1 - poly(A) polymerase 1	80	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.9	
AT1G80130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	34	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.3	0.0	0.0	0.0	
AT3G57050.1 (+	CBL - cystathionine beta-lyase	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	
AT2G29690.1	ASA2, ATHANSYNAB - anthranilate synthase 2	70	0.0	0.0	0.0	1.6	0.0	0.0	4.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	

AT1G11870.1 (+	ATSRS, OVA7, SRS - Seryl-tRNA synthetase	57	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G38670.1	PECT1 - phosphorylethanolamine cytidylyltransferase 1	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.9	0.0	4.8
AT5G19855.1	Chaperonin-like RbcX protein	23	0.0	0.0	0.0	6.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G31860.1	AT-IE, HISN2 - histidine biosynthesis bifunctional protein (HISIE)	32	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G32520.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	26	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76810.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	142	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 - homologue of NAP57	63	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.9	0.0
AT2G45990.1 (+	unknown protein	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	96	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.7
AT4G34700.1	CIB22, AtCIB22 - LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	14	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G29260.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13530.1	MAPKKK7, MAP3KE1 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	151	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.1	0.0	0.0
AT3G02780.1	IPP2, IPIAT1, IDI2 - isopentenyl pyrophosphate:dimethylallyl pyrophosphate iso	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G36760.1	ATAPP1, APP1 - aminopeptidase P1	72	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G44350.1 (+	ATCS, CSY4 - Citrate synthase family protein	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G07460.1	PMSR2, ATMSRA2 - peptidemethionine sulfoxide reductase 2	24	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	24.0	0.0	0.0	0.0
AT1G72550.1 (+	tRNA synthetase beta subunit family protein	68	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G53180.1	glutamate-ammonia ligases;catalytics;glutamate-ammonia ligases	94	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G07880.1	SCN1 - Immunoglobulin E-set superfamily protein	27	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G05070.1 (+	LHCB2.2, LHCB2 - photosystem II light harvesting complex gene 2.2	29	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	22.1	0.0	0.0
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide	111	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G58240.1 (+	FHIT - FRAGILE HISTIDINE TRIAD	20	0.0	1.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G17240.1	unknown protein	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	10.2	2.4
AT1G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G57655.2	xylose isomerase family protein	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G17810.1	PYD1 - pyrimidine 1	47	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G26860.1 (+	Predicted pyridoxal phosphate-dependent enzyme, YBL036C type	27	0.0	0.0	3.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G65270.1 (+	unknown protein	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G28470.1 (+	BGAL8 - beta-galactosidase 8	93	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.8	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G33450.1	Ribosomal L28 family	16	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G47770.1	FPS1 - farnesyl diphosphate synthase 1	44	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02660.1	emb2768 - Tyrosyl-tRNA synthetase, class Ib, bacterial/mitochondrial	57	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	18	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.2	0.0	0.0	0.0
AT5G13980.1 (+	Glycosyl hydrolase family 38 protein	116	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	11.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G10540.1	Zincin-like metalloproteases family protein	79	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	52.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G73600.2	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	58	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G32050.1	SCAMP family protein	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	31	7.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G19350.3 (+	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6
AT3G20790.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G17210.1	ATHS1, HS1 - heat stable protein 1	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.4	0.0	0.0	0.0
AT2G04880.1 (+	ZAP1, ATWRKY1, WRKY1 - zinc-dependent activator protein-1	54	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.6	0.0	0.0	0.0
AT4G10320.1	tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	135	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G07700.3 (+	Thioredoxin superfamily protein	25	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	30.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G33670.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	35	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G66430.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYRE-F) (UMPS)	52	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G76160.1	sks5 - SKU5 similar 5	60	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G04350.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	111	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G43700.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	38	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.1
AT5G52810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	35	0.0	1.8	1.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

AT2G13560.1	NAD-ME1 - NAD-dependent malic enzyme 1	70	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G34850.1	ATPAP26, PAP26 - purple acid phosphatase 26	55	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G49970.1 (+	ATPPOX, PDX3, PPOX - pyridoxin (pyrodoxamine) 5'-phosphate oxidase	59	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G28940.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	19	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G36310.1 (+	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	45	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G21110.1 (+	PUR7, PURC, ATPURC - purin 7	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	13	0.0	0.0	0.0	2.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G65540.1	LETM1-like protein	84	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.0
AT1G52780.1	unknown protein	120	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT5G66680.1	DGL1 - dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48kDa su	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	12.8
AT5G03350.1	Legume lectin family protein	30	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.7	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G52200.1 (+	phosphoprotein phosphatase inhibitors	21	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.5	0.0	0.0	0.0
AT3G18410.1 (+	Complex I subunit NDUFS6	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G77060.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	37	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G04600.1 (+	Nucleotidylyl transferase superfamily protein	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G13490.1	OVA5, ATKRS-2 - Lysyl-tRNA synthetase, class II	68	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G17830.2 (+	Peptidase M20/M25/M40 family protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G16440.1	IPP1 - isopentenyl diphosphate isomerase 1	33	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G16510.1 (+	Alpha-1,4-glucan-protein synthase family protein	39	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G16520.3	UGT88A1 - UDP-glucosyl transferase 88A1	51	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	8.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-containing protein / RNA recognition motif (RRM)-c	101	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	2.4
AT5G16370.1	AAE5 - acyl activating enzyme 5	61	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT4G33030.1	SQD1 - sulfoquinovosyldiacylglycerol 1	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	46	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G47960.1	unknown protein	49	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G79230.1 (+	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1, STR1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	42	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G44910.1 (+	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	109	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.3	0.0
AT2G27210.2 (+	BSL3 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 3	107	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	27.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT1G69510.1 (+	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein	15	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.2	0.0	0.0	0.0
AT1G76880.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	68	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT5G27700.1	Ribosomal protein S21e	9	0.0	0.0	0.0	2.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT3G62910.1	APG3 - Peptide chain release factor 1	48	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G36690.1 (+	ATU2AF65A - U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	64	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.0	0.0
AT4G27640.1	ARM repeat superfamily protein	115	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT3G21750.1	UGT71B1 - UDP-glucosyl transferase 71B1	53	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT4G17300.1	NS1, OVA8, ATNS1 - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily	64	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT5G10630.1 (+	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	72	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.6
AT1G04350.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	41	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.4
AT1G66520.1	pde194 - formyltransferase, putative	39	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
AT2G41500.1	LIS, EMB2776 - WD-40 repeat family protein / small nuclear ribonucleoprotein I	62	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	4.8
AT5G39590.1	TLD-domain containing nucleolar protein	60	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.4
AT4G38600.1	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	203	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0

Tabelle B2-a: Identified phosphopeptides in crude extracts (with q-values<0.05)

Color codes:	blue=novel phosphopeptides (from proteins not annotated as phosphoproteins)
	red=novel phosphopeptides (in known phosphoproteins)
	white=known phosphopeptides

(i.e 3 biological & 2 technical replicates)

Protein code	Description	Sequence	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities	Replicate 1	Replicate 2	Replicate 3	Replicate 4	Replicate 5	Replicate 6
AT5G47210.1	Hyaluronan / mRNA binding family	ASLNPFDLLGDDAEDPSQLAVALSQK	2794.30735	0	0.000695729	64	12	S(2): 100.0; S(17): 0.0; S(24): 0.0		High	High	High	High	High
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	VDSSGDVCGATFKVDAETKR	2221.97861	0	0.000664359	22	3	S(3): 2.4; S(4): 2.4; T(11): 92.8; T(18): 2.4		High				
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2426.06728	0	1.82085E-09	20	15	S(2): 80.7; S(8): 8.4; S(9): 8.4; S(13): 1.8; T(18): 0.8		Low	High	High	High	High
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2269.96621	0	0.000124651	9	8	S(1): 50.7; S(7): 15.7; S(8): 15.7; S(12): 10.7; T(17): 7.3					High	High
AT4G31700.1	ribosomal protein S6	SRLSSAAAKPSVTA	1425.70635	0.00019	0.04991904	88	30	S(1): 0.0; S(4): 92.2; S(5): 7.7; S(11): 0.1; T(13): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT4G01985.1	unknown protein	GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGGGAGGAI	4742.21889	0.000518	0.01711207	0	11	S(2): 26.2; S(14): 25.0; S(32): 24.5; S(54): 24.3		High		Medium	Medium	High
AT5G04380.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfa	DLVFEGLLSASKVYSFK	1982.97463	0.000892	0.07914957	10	10	S(9): 10.6; S(11): 10.6; Y(14): 10.6; S(15): 68.2	Low	Low	High			
AT4G16830.1	Hyaluronan / mRNA binding family	ATLNPFDLLDDDAEDPSQLAVAIEK	2780.27872	0.001	0.01514467	24	1	T(2): 99.1; S(17): 0.9						High
AT5G25460.1	unknown protein	NILKNGGFEEGPLVLPGSTTGVLIPPFIEDDHSPLPGWMVESLK	4940.33139	0.001065	0.04738305	0	8	S(18): 60.0; T(19): 60.0; T(20): 60.0; S(33): 60.0; S(42): 60.0		High				
AT2G45820.1	Remorin family protein	ALAVVEKPIEEHTPK	1740.89536	0.001196	0.1081021	47	3	T(13): 100.0	High	High				High
AT2G24270.2	aldehyde dehydrogenase 11A3	AGTGLFAEILDGEVYK	1762.81876	0.001248	0.03204952	56	4	T(3): 100.0; Y(15): 0.0		Medium	High	High	Medium	
AT1G32200.1	phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	MTLTFSSSAATVAVAAATVTSSARVPVYPLASSTLRGLVSFR	4324.24282	0.00167	0.1325656	4	19	T(2): 7.7; T(4): 7.7; S(6): 7.7; S(7): 7.7; S(8): 7.7; T(11): 7.7; T(18): 7.7; T(20): 7.7; S(21): 7.7; S(22): 7.7; Y(28): 7.7; S(32): 3.9;	High		Low			
AT2G24940.1	membrane-associated progesterone binding protein 2	MEFTAEQLSQYNGTDESKPIYVAIK	2942.35965	0.002158	0.08406487	3	6	T(4): 18.1; S(9): 18.1; Y(11): 18.1; T(14): 18.1; S(17): 18.1; Y(21): 9.7		High			High	High
AT2G04842.1	threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, pu	FGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	2664.37571	0.002166	0.1089434	13	4	T(7): 94.4; T(23): 5.6	Medium	Medium	Low	High		
AT5G58140.4	phototropin 2	KIQASGETVGLHHFKPIKPLGSGDTGSVHLVELKGTGELYAMK	4610.37875	0.002651	0.0438936	0	3	S(5): 13.6; T(8): 13.6; S(22): 13.6; T(25): 13.6; S(27): 13.6; T(36): 14.9; Y(40): 17.1	Low					High
AT1G14370.1	protein kinase 2A	VDNSNHSPHANSASSGSKVSSKTSR	2621.16776	0.003009	0.1577491	27	7	S(4): 0.1; S(7): 0.1; S(12): 0.2; S(14): 0.5; S(15): 1.3; S(17): 3.8; S(20): 13.4; S(21): 13.4; T(23): 13.4; S(24): 53.9		Medium	High			
AT4G18810.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	GIVSTTNNGGFTSVRTKNFPEAENVSAYDGLELR	3723.76845	0.003062	0.1780093	0	2	S(4): 11.2; T(5): 11.2; T(6): 11.2; T(12): 12.3; S(13): 12.3; T(16): 12.3; S(26): 13.6; Y(28): 15.9	High					
AT5G14740.2	carbonic anhydrase 2	GNESYEDAIEALKK	1646.72147	0.003091	0.1605056	28	2	S(4): 20.8; Y(5): 79.2			High			
AT1G17480.1	IQ-domain 7	GSYAASSLGSELPSFSADEAFTTAMAALIRAPPR	3522.65821	0.007179	0.2390785	5	2	S(2): 10.3; Y(3): 10.3; S(6): 10.3; S(7): 10.3; S(10): 10.3; S(14): 10.3; S(16): 10.3; T(22): 10.3; T(23): 17.3				High		
AT1G51310.1	transferases;tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-meth	HAFIVDQYLSCSMPEKPLRVAVLLSGGVDSSVALR	3894.95864	0.009368	0.2862905	4	8	Y(8): 6.7; S(10): 6.7; S(12): 6.7; S(25): 19.0; S(30): 19.0; S(31): 41.8		Low			High	Low
AT3G23490.1	cyanase	TFSQLAAETGLTNVYVAQLLR	2455.16225	0.009966	0.2917009	7	2	T(1): 26.7; S(3): 26.7; T(9): 51.9; T(12): 63.6; Y(15): 31.2				High		
AT1G51130.1	Nse4, component of Smc5/6 DNA repair complex	SQSAHGVSPAEFVNALISGFGQGSLGIDTDETAQVSLK	3977.81577	0.010616	0.2966652	5	3	S(1): 25.3; S(3): 25.3; S(8): 25.3; S(18): 20.5; S(24): 20.5; T(29): 20.5; T(32): 24.2; S(36): 38.4		Low		Medium		
AT3G28360.1	P-glycoprotein 16	TTGRAIAEAGTMTTDLAK	1967.85862	0.011841	0.3603902	20	2	T(1): 58.8; T(2): 58.8; T(11): 34.1; T(13): 34.1; T(14): 14.1			Low			Medium
AT4G01510.1	Arv1-like protein	TNDGSNVSMSFLFESLEVLVNVLSANFAFVFSFAFAAK	4359.94008	0.012785	0.357662	7	1	T(1): 51.8; S(5): 42.9; S(8): 37.1; S(10): 37.1; S(15): 37.4; S(24): 40.0; S(32): 53.6					Medium	
AT5G35570.1	O-fucosyltransferase family protein	KEVLPLLKQHIVMYLTHTDSR	2601.35317	0.013762	0.3429744	7	9	Y(14): 10.1; T(16): 22.2; T(18): 22.2; S(20): 45.6	Medium	Medium		Medium		
AT1G14010.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	SSIVLLILSILSPVTLSIR	2184.20708	0.016281	0.3789499	58	11	S(1): 15.3; S(2): 15.3; S(9): 84.3; S(12): 84.6; T(15): 0.5; S(17): 0.0				Medium		
AT3G12580.1	heat shock protein 70	VQDLLLLDVTPLSLGLETAGGVMTVLIPRNTTIPTK	4029.05703	0.017353	0.372216	0	1	T(10): 44.4; S(13): 44.4; T(18): 42.2; T(24): 42.2; T(31): 42.2; T(32): 42.2; T(35): 42.2	Medium					
AT5G17990.1	tryptophan biosynthesis 1	LSGILTSFNAVDDASSSCGRSNLTGVRIFPTLSR	3838.70435	0.017959	0.3771739	5	1	S(2): 24.9; T(6): 25.9; S(7): 27.2; S(15): 31.7; S(16): 31.7; S(17): 31.7; S(21): 32.0; T(24): 32.0; T(31): 33.8; S(33): 29.3	Medium					
AT2G20750.1	expansin B1	GPFSVKLTTLSNNKTLSATDVIPSNWVPK	3274.62050	0.021199	0.5956593	12	13	S(4): 3.9; T(8): 31.1; T(9): 31.1; S(11): 31.1; T(15): 31.1; S(17): 31.1; T(19): 31.1; S(24): 9.7	Low	Low	Low	Low	Medium	Medium
AT2G40840.1	disproportionating enzyme 2	VEKPLGVFMNKSDQDDSVVVQFK	2689.27768	0.021343	0.6031149	33	1	S(12): 0.4; S(17): 99.6						Medium
AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	SNGHVYVDEIPPGLPRLHTPSEGRASVHGASSIR	3832.73672	0.022388	0.6381906	32	2	S(1): 33.1; Y(6): 33.1; T(19): 33.1; S(21): 4.1; S(26): 95.3; S(31): 50.7; S(32): 50.7						Medium
AT5G23890.1	unknown protein	KKSLIEGVVGAGVAGIILFLGLSYAAASFSK	3226.69326	0.0239	0.4646864	6	1	S(3): 24.9; S(23): 36.3; Y(24): 36.3; S(28): 51.2; S(30): 51.2		Medium				
AT1G14610.1	valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VALRS)	TAISDVEVEYIDIKEKTLLK	2467.19765	0.02417	0.5055462	10	3	T(1): 30.4; S(4): 30.4; Y(10): 62.4; T(17): 76.9		Low			Medium	Low
AT4G04180.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfami	VLSVLLRQIDGFEQEK	1953.99538	0.02444	0.4734859	13	3	S(3): 100.0		Medium			Low	Low
AT3G62100.1	indole-3-acetic acid inducible 30	GRSSSSSSSIESSCKSNPFGVSSSNTR	2772.19155	0.026131	0.5258988	7	24	S(3): 10.8; S(4): 10.8; S(5): 10.8; S(6): 10.8; S(7): 10.8; S(8): 10.8; S(11): 10.8; S(12): 10.8; S(15): 3.7; S(21): 3.7; S(22): 2.1; S(	Low		Low		Medium	
AT3G54280.1	DNA binding;ATP binding;nucleic acid binding;binding;helicases;	GTLEEKVMSLQK	1442.69829	0.026155	0.492686	60	10	T(2): 0.0; S(9): 100.0	Low	Medium	Medium	Low	Low	Medium
AT4G38740.1;AT4	rotamase CYP 1 / Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isome	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	2873.30117	0.027543	0.4591594	37	3	T(2): 0.7; S(8): 95.1; T(16): 2.0; S(19): 2.0; T(25): 0.1	Medium	Low				
AT1G56710.1	Pectin lyase-like superfamily protein	NVTCGPSHGISIGSLGVHNSQAYVSNITVTNSTIWNSDNGVRIK	4894.19887	0.027961	0.5437151		2	Too many isoforms					Medium	
AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase family protein	HAEARHHSRDTPILEIVSFGSELSNR	3038.44497	0.028666	0.7453296	0	23	S(8): 19.6; T(11): 19.6; S(18): 19.9; S(21): 19.9; S(24): 21.1	Low	Low	Low	Low	Low	Medium
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily pr	ATSGTYVTEVPLKGSAEK	1917.91213	0.032722	0.4923883	48	4	T(2): 24.5; S(3): 24.5; T(5): 24.5; Y(6): 24.5; T(8): 1.9; S(15): 0.0	Medium					
AT4G01985.1	unknown protein	GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGGGAGGAI	4475.88026	0.032914	0.5827248	2	4	S(2): 74.2; S(14): 68.2; S(32): 77.5; S(54): 80.1					Low	Low
AT4G21620.1	glycine-rich protein	SGNDGLGFGGVPGSGFIPGFGNGFPGTGVGGGYGGGFGGPSGGFGK	4181.80991	0.033473	0.4974105	0	2	S(1): 40.3; S(14): 40.0; T(27): 40.2; Y(33): 39.8; S(41): 39.8	Medium					
AT2G35040.2	AICARFT/IMPCHase bienzyme family protein	DLASLGNGLQELGYTIVSTGGTASTLENAGVSVTKVEK	4019.86318	0.033784	0.7839063	0	1	S(4): 29.8; Y(14): 30.8; T(15): 29.9; S(18): 30.7; T(19): 29.9; T(22): 29.5; S(24): 29.5; T(25): 29.7; S(32): 30.5; T(34): 29.7						Medium
AT5G02460.1	Dof-type zinc finger DNA-binding family protein	LMPPLDFTDNFTLQYGAVSAPSYHIGGGSSGGAAALLNGFDQWR	4759.12061	0.03584	0.5673248	1	5	T(8): 25.0; T(12): 25.0; Y(15): 25.0; S(19): 25.0; S(22): 25.0; Y(23): 25.0; S(29): 25.0; S(30): 25.0				Medium		
AT4G18501.1	unknown protein	KPLQDITNLFVSSSPLSSSFLIR	2629.35773	0.036814	0.5738337	8	3	T(7): 3.4; S(12): 9.4; S(13): 9.4; S(14): 9.4; S(17): 16.9; S(18): 16.9; S(19): 34.6				Low		
AT1G32320.1	MAP kinase kinase 10	GSLHDALLAQQVFSEPMVSSLANRILQGLRYLQK	3942.96125	0.038116	0.7957316	8	3	S(2): 83.1; S(14): 13.7; S(19): 13.0; S(20): 13.0; Y(31): 77.3						Medium
AT1G02780.1	Ribosomal protein L19e family protein	LAKGPGGDVAPVAAPAPAATPAPTAAVPK	2643.38578	0.039518	0.5168349	12	1	T(20): 77.1; T(24): 22.9			Medium			
AT5G60600.3	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	ATGVLPAPVSGIKIPDSKVGFGK	2478.17666	0.040457	0.5358159	19	1	T(2): 100.0; S(10): 100.0; S(17): 100.0	Medium					
AT5G05890.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	WAPQQDVLKHRAIGGFLTHNGWSSTVESVCEAVPMICLPFR	4774.28611	0.042016	0.7957316	0	4	T(18): 20.0; S(23): 20.0; S(24): 20.0; T(25): 20.0; S(28): 20.0						Low
AT1G51120.1	AP2/B3 transcription factor family protein	TTTETSGLTDSVLSLTKRMKPTEVTTTTKPALSNTTK	4499.82485	0.043542	0.5369383		3	Too many isoforms		Low	Medium	Low		
AT2G33210.1	heat shock protein 60-2	VTDALNATKAAVEEGIVPGGGVALLYASK	2894.50088	0.043878	0.6594587	3	2	T(2): 12.3; T(8): 17.4; Y(26): 25.8; S(28): 44.5					Medium	
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	QFTGQSLAFGKVIKQIK	1973.05167	0.047422	0.6522376	35	12	T(3): 86.5; S(6): 13.5	Low	Medium	Low	Low	Low	Low
AT5G57590.1	adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminases	FGHVMFPENVYEPALKCAELLLDGVGKGWASR	3670.77334	0.048751	0.6902003	3	1	Y(11): 33.9; S(31): 66.1					Medium	

Tabelle B2-b: Identified phosphopeptides in 40%AS fraction

Color codes:	blue=novel phosphopeptides (from proteins not annotated as phosphoproteins)
	red=novel phosphopeptides (in known phosphoproteins)
	white=known phosphopeptides

(i.e 3 biological & 2 technical replicates)

Protein code	Description	Sequence	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities	Replicate 1	Replicate 2	Replicate 3	Replicate 4	Replicate 5	Replicate 6
AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSKR	2795.21743	0	3.14691E-05	25	4	S(1): 5.7; S(2): 5.7; S(9): 82.9; S(13): 1.9; T(18): 1.9; S(22): 1.9	High			High	High	
AT5G55230.1	microtubule-associated proteins 65-1	EEAASSPVSGAADHQVPASP	1986.84136	0	0.000180672	74	1	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(19): 100.0					High	
AT5G53620.1	unknown protein	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	2911.28066	0	7.47527E-05	33	9	S(3): 0.1; S(5): 0.1; S(18): 96.3; S(23): 3.5	High		High	High		High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2832.32499	0	0.00015799	60	14	T(10): 0.0; S(17): 98.7; S(20): 1.3	High	High		High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	2272.09087	0	0.000239707	126	10	S(1): 99.3; S(4): 0.7; S(8): 0.0; S(11): 0.0; S(14): 0.0; T(15): 0.0		High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2591.13681	0	7.25676E-05	55	6	T(8): 0.4; S(15): 94.7; S(18): 5.0		High				
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2426.06704	0	9.57002E-06	46	10	S(2): 98.1; S(8): 1.0; S(9): 1.0; S(13): 0.0; T(18): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	SMSAPSLQPLQGVPSGGLQSSEVKPSGR	2861.38144	0	0.009637008	21	13	S(1): 13.6; S(3): 13.6; S(6): 62.2; S(15): 3.5; S(20): 3.5; S(21): 3.5; S(26): 0.2		High	High		High	High
AT3G43300.2	HOPM interactor 7	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	2694.18436	0	3.29169E-05	46	59	S(1): 0.1; S(2): 0.1; T(7): 1.7; S(10): 73.2; S(11): 19.3; Y(13): 5.5; T(19): 0.0; S(23): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT2G45820.1	Remorin family protein	ALAVVEKPIEEHTPK	1740.89280	0	0.005446159	52	7	T(13): 100.0	High	High	High	High	High	High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	2520.21840	0	3.0368E-05	61	31	S(1): 9.8; S(3): 78.9; T(11): 9.8; T(12): 1.4; T(15): 0.2	High	High	High	High	High	High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	2991.14060	0	3.88448E-08	104	22	S(9): 8.6; S(10): 91.4; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0		High	High	High	High	High
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	3471.63498	0	2.38227E-05	74	22	S(1): 99.3; T(8): 0.4; Y(12): 0.4; T(15): 0.0; T(25): 0.0	High		High	High	High	High
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	SLSASSFLIDTK	1348.63896	0	0.000365759	131	20	S(1): 0.2; S(3): 99.8; S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(11): 0.0	High		High	High	High	High
AT1G01100.1;AT5(	60S acidic ribosomal protein family	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	2148.90166	0	4.97934E-05	168	3	S(9): 100.0		High		High		
AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	HYSEDVGEVQASQEKPVSPK	2294.02988	0.000132	0.001286415	62	1	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(12): 0.0; S(18): 100.0						High
AT4G31700.1	ribosomal protein S6	SRLSSAAAKPSVTA	1425.70757	0.000211	0.007099585	77	10	S(1): 0.8; S(4): 91.5; S(5): 7.7; S(11): 0.0; T(13): 0.0					High	High
AT4G15545.1	unknown protein	LTPPGSPPILSASGTPK	1699.86711	0.000591	0.04944334	46	27	T(2): 0.2; S(6): 99.5; S(11): 0.2; S(13): 0.1; T(15): 0.1	High	High	High	High	High	
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	SNDGANNGASGIESNAGSTGTNFGAGGTGGIGDTESDAGGSK	4196.36547	0.000809	0.06307862		1	Too many isoforms			High			
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2269.96206	0.001774	0.04166694	2	5	S(1): 10.5, S(7): 17.6; S(8): 17.6; S(12): 36.6; T(17): 17.6			High		High	Medium
AT1G79280.2	nuclear pore anchor	IGSLQEDLSSCKDAATTTEEQYTAELFTANK	3581.51992	0.001977	0.07898613	11	3	S(3): 11.9; S(9): 39.4; S(10): 39.4; T(16): 18.2; T(17): 18.2; T(18): 18.2; Y(22): 18.2; T(23): 18.2; T(28): 18.2	High					
AT1G04820.1;AT5(	tubulin alpha-4 chain / tubulin alpha-3	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLLERLSVDYGK	4035.98403	0.003277	0.1142746	15	1	T(6): 83.5; T(21): 2.8; S(23): 2.8; S(27): 2.8; S(34): 4.0; Y(37): 4.0	High					
AT3G51740.1	inflorescence meristem receptor-like kinase 2	TSEKTVSAGVAGTASAGGEMGGK	2212.91617	0.003485	0.09219831	4	3	T(1): 22.2; S(2): 22.2; T(5): 22.2; S(7): 22.2; T(13): 55.6; S(15): 55.6						High
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	DLGSASPPVARPVR	1501.75176	0.003835	0.09774711	35	8	S(4): 4.8; S(6): 95.2			Low	High	Low	High
AT5G20340.1	beta-1,3-glucanase 5	SIDITKIR	1025.54143	0.004458	0.1869192	83	3	S(1): 0.0; T(5): 100.0	Medium		High	Medium		
AT5G35410.1	Protein kinase superfamily protein	LYEVLASPSKIYIVLEFVTGGELFDRIVHK	3595.81647	0.006992	0.1720166	1	6	Y(2): 38.3; S(7): 43.4; S(9): 38.7; Y(12): 42.0; T(19): 37.6				High		
AT3G14415.1;AT3(	Aldolase-type TIM barrel family protein	MEITNVTEYDAIAK	1677.73386	0.007086	0.1930341	32	2	T(4): 11.3; T(7): 77.3; Y(9): 11.3	High					
AT4G34190.1	stress enhanced protein 1	ALSQVSASLAFSLPNSGALKLATITNPTSTCR	3356.70371	0.008362	0.1933621	2	17	S(3): 7.4; S(6): 7.4; S(8): 7.4; S(12): 7.4; S(16): 11.7; T(23): 11.7; T(25): 11.7; T(28): 11.7; S(29): 11.7; T(30): 11.7		Low		Low	High	Medium
AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	2528.31899	0.008957	0.2612401	23	3	S(1): 0.3; T(6): 1.6; S(13): 10.5; T(18): 87.5		High				
AT1G09830.1	Glycinamide ribonucleotide (GAR) synthetase	VGDGDTGPNTGGMGAYSPAPVLTK	2421.98672	0.00936	0.2115442	16	2	T(6): 58.7, T(10): 27.1; Y(16): 16.4; S(17): 14.9; T(23): 83.0				Medium		High
AT5G56500.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	TNDLAGDGTTTSVVLAQGLIAEGVKVVAAGANPVLITRGIEK	4359.17188	0.010409	0.224194	8	4	T(1): 43.3; T(9): 43.3; T(10): 43.3; T(11): 43.3; S(12): 43.3; T(37): 83.6				Low	Medium	Low
AT2G45420.1	LOB domain-containing protein 18	SGGGNTITAVGGGGGGCGGGGSSGGGGSSGGGGGGGPCGACKFLR	3774.46653	0.010506	0.2593915	1	6	S(1): 26.1; T(6): 26.1; T(8): 26.1; S(22): 26.1; S(23): 26.1; S(28): 34.9; S(29): 34.9	Medium					
AT4G14700.1	origin recognition complex 1	KSYLSPSSTSLTPPQTPETLTPLRR	2837.45300	0.010815	0.240429	0	8	S(2): 9.1; Y(3): 9.1; S(5): 9.1; S(7): 9.1; S(8): 9.1; T(9): 9.1; S(10): 9.1; T(12): 9.1; T(16): 9.1; T(19): 9.1; T(21): 9.1						Medium
AT1G23760.1	BURP domain-containing protein	FNSYGTSATGGSGDFKNYQSGVNNPTTRFK	3522.34510	0.011237	0.2903524		2	Too many isoforms			Medium			
AT5G56740.1	histone acetyltransferase of the GNAT family 2	LSQILVLPSFQGK	1509.80133	0.011279	0.2471017	30	4	S(2): 0.4; S(9): 99.6	Medium		Low		Medium	Low
AT4G25530.1	FLOWERING WAGENINGEN	IVNNGMLVLQEIWNDASGAMVVYAPVETNSIELVKR	4132.96286	0.011505	0.2777938	3	19	S(17): 53.4; Y(23): 53.4; T(28): 46.6; S(30): 46.6	Medium	Medium			Medium	Low
AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family protein	LTIDEKISQLVNTAPGIPR	2145.12880	0.012504	0.347871	12	1	T(2): 21.6; S(8): 56.7; T(13): 21.6		Medium				
AT4G24280.1	chloroplast heat shock protein 70-1	GVPQIEVKFDIDANGILSVSAVDKGTGK	2937.49453	0.013234	0.3108542	6	2	S(18): 57.5; S(20): 21.2; T(26): 21.2			Medium			
AT4G39690.1	unknown protein	GTLRHFSLIPPGGGGILAHSLAHVASSLK	3053.53132	0.013502	0.2807789	2	6	T(2): 46.1; S(7): 46.1; S(20): 34.1; S(26): 36.9; S(27): 36.9						Medium
AT3G12345.1	unknown protein	GSSGSPSKGTGIYLPPVSLKEAVSGGLK	2753.42044	0.014871	0.3066794	6	13	S(2): 7.0; S(3): 7.0; S(5): 15.7; S(7): 41.3; T(10): 15.7; Y(13): 7.0; S(18): 2.5; S(24): 3.8	Low	Low	Low	Low	Medium	Low
AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	NAALATTTATTPVLRR	1736.90842	0.015443	0.4098554	40	1	T(6): 12.5; T(7): 12.5; T(8): 59.5; T(10): 12.5; T(11): 3.0				Medium		
AT1G31730.1	Adaptin family protein	WGRPSYQSTTAASSTTPQAANGISTHSDAGVGSSSSKPR	4772.46849	0.017271	0.3486153		1	Too many isoforms			Medium			
AT4G21210.1	PPDK regulatory protein	ACKLWKIPSLDILGPITESISSHLGTNPSGLSR	3707.83063	0.018264	0.3720524	6	1	S(9): 31.0; T(17): 31.0; S(19): 19.0; S(21): 19.0; S(22): 19.0; T(26): 19.0; S(29): 31.0; S(32): 31.0					Medium	
AT3G06510.1	Glycosyl hydrolase superfamily protein	MELFALLIKVAGLLATVTVGANVVSYSR	3015.63886	0.018763	0.3697209	3	5	T(16): 20.0; T(18): 20.0; S(25): 20.0; Y(26): 20.0; S(27): 20.0		Low				Medium
AT2G26890.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	LTGLCADESLTPYNATAADVLKALLTPK	3106.49366	0.019559	0.4950462	0	7	T(2): 21.7; S(9): 35.7; T(11): 35.7; Y(13): 35.7; T(16): 35.7; T(26): 35.7				Low		
ATMG00285.1	NADH dehydrogenase 2A	KSEFSTEAGSK	1250.52216	0.019997	0.3953452	6	9	S(2): 8.4; S(5): 30.5; T(6): 30.5; S(10): 30.5	Low		Low		Medium	Low
AT5G22330.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	ALLLAGPPGTGKTALALGISQELGSKVPFCPMVGSEVYSSEVK	4679.16355	0.023714	0.438322	2	1	T(10): 50.0; T(13): 50.0; S(20): 50.0; S(25): 50.0; S(35): 50.0; Y(38): 50.0; S(39): 50.0; S(40): 50.0						Medium
AT5G52790.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	LLDLLLGKRHSTLLGR	1885.07854	0.023892	0.3993647	51	11	S(11): 1.7; T(12): 98.3	Low	Low	Medium	Low	Low	Low
AT4G17890.2	ARF-GAP domain 8	AIAEETNSGLLSSPVATSQLPEVSNGVSSYSVK	3561.56904	0.025019	0.4041207	2	1	T(6): 25.5; S(8): 25.5; S(12): 25.5; S(13): 25.5; T(17): 24.5; S(18): 24.5; S(24): 29.0; S(28): 30.0; S(29): 30.0; Y(30): 30.0; S(31): 30.0			Medium			
AT4G13150.1	unknown protein	VSGKGVPFIVKLGLGLGLAMIITVISVALK	3233.74184	0.026343	0.4798437	14	9	S(2): 100.0; T(23): 100.0; S(26): 100.0		Medium	Low	Low	Low	Medium
AT2G04270.1	RNAse E/G-like	LPQFSVSSRASWLVSSGFPLSSYMFSHVER	3548.61252	0.028777	0.6618513	19	5	S(5): 2.0; S(7): 2.0; S(8): 2.0; S(11): 2.7; S(15): 4.7; S(16): 12.7; S(21): 43.5; S(22): 43.5; Y(23): 43.5; S(26): 43.5				Medium		
AT5G06370.1	NC domain-containing protein-related	RLSSGLFQVLDPPLAAIALPSTS	2593.21499	0.028907	0.5822281	3	6	S(3): 69.0; S(4): 69.0; S(21): 54.0; T(22): 54.0; S(23): 54.0		Medium			Low	
AT1G06950.1	translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	LATSAVVLAASLATGYGLGLR	2164.08730	0.030431	0.4374003	6	2	T(3): 32.9; S(4): 32.9; S(11): 47.8; T(14): 51.7; Y(16): 34.7	Low		Medium			
AT2G26890.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	RETMSSGEVKAEEIGSDGVNESTDPSSLPGQTPQER	4044.64004	0.030972	0.5528939	17	1	T(3): 4.2; S(5): 4.2; S(6): 5.5; S(16): 8.8; S(22): 55.5; T(23): 55.5; S(26): 55.5; S(27): 55.5; T(32): 55.5					Medium	
AT4G14370.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	DEHVIAMLADSNLDVKQGLKILTNK	2845.46767	0.032434	0.6230141	12	2	S(11): 5.6; T(23): 94.4		Medium				Low
AT1G30400.1	multidrug resistance-associated protein 1	ADRPTLSNINLDIPLGSLVAVVGSTGEGK	3053.48197	0.034901	0.7442495	2	8	T(5): 28.7; S(7): 69.9; S(17): 57.0; S(24): 22.2; T(25): 22.2		Low		Medium	Medium	Low
AT4G28000.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	HTRNLAPGSK	1160.55168	0.03559	0.754117	50	3	T(2): 0.0; S(9): 100.0	Low			Medium		Low
AT2G33240.1	myosin XI D	LPHLYGNEIMEQYKGTDFGELSPHPFAVADSAYR	4012.76333	0.037465	0.6673581	0	3	Y(5): 33.3; Y(13): 33.3; T(16): 33.3; S(22): 33.3; S(31): 33.3; Y(33): 33.3		Medium				
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	LSFLLSLLSGGSDLLGPDAESGVAQIGK	2824.42765	0.038178	0.6709199	6	2	S(2): 20.1; S(6): 12.6; S(9): 12.6; S(12): 12.6; S(21): 42.0		Medium				Low
AT1G72150.1	PATELLIN 1	SSFVFVSDFRNAPGLGKR	2064.01040	0.039425	0.6264254	39	1	S(1): 1.0; S(2): 1.0; S(7): 98.0					Medium	
AT3G13290.1	varicose-related	SDSTVSREANLVESTLETSGMKPTELPSVGSVPKPSILVNR	4472.17115	0.039565	0.7923147	4	1	S(1): 16.4; S(3): 16.4; T(4): 16.4; S(6): 16.4; S(14): 16.4; T(15): 16.4; T(18): 16.4; S(19): 16.4; T(24): 16.4; S(28): 16.4; S(31): 17.9; S(36): 17.9				Medium		
AT3G19420.1	PTEN 2	VSISGNKGSSQPVQGVTVSKGEATEKPSGAGVNASSSSESEFK	4515.95229	0.04077	0.4975071		1	Too many isoforms			Medium			
AT5G15090.1	voltage dependent anion channel 3	FSVTTYSSTGVAITTTGTNK	2115.98233	0.040776	0.693624	3	6	S(2): 9.1; T(4): 9.1; T(5): 9.1; Y(6): 9.1; S(7): 9.1; S(8): 9.1; T(9): 9.1; T(14): 9.1; T(15): 9.1; T(16): 9.1; T(18): 9.1		Medium		Low		
AT2G04842.1	threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	3067.42545	0.041246	0.6307821	38	1	S(1): 100.0; T(9): 100.0; T(25): 100.0	Medium					
AT2G39730.1;AT2(	rubisco activase	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTNVQLPGMYNK	4023.82387	0.041705	0.808241	20	1	T(4): 5.1; T(5): 5.1; Y(7): 23.4; T(8): 58.0; T(17): 5.1; T(26): 2.7; Y(34): 0.7				Medium		
AT4G33470.1	histone deacetylase 14	ISDIGKGKGEGTTLNLPLPGSGDIAMR	2914.37971	0.042196	0.6546152	2	2	S(2): 36.8; T(12): 54.4; T(13): 54.4; S(22): 54.4						Medium
AT3G22760.1	Tesmin/TSO1-like CXC domain-containing protein	VIRNSDSIIEVGEDASK	1911.89481	0.042639	0.8216446	52	1	S(5): 0.0; S(7): 0.1; S(16): 99.9				Medium		
AT3G16950.1;AT4(	lipoamide dehydrogenase 1 / dihydrolipoyl dehydrogenases	DIIIATGSVPFVPK	1536.80143	0.043742	0.5158506	38	2	T(6): 12.3; S(8): 87.7			Low			
AT3G06650.1;AT5(	ATP-citrate lyase B-1 / ATP citrate lyase subunit B 2	ANNLVLNVDGAIGSLFLDLLAGSGMFTK	2930.46369	0.044228	0.6621496	2	1	S(14): 27.2; S(23): 41.3; T(27): 31.6					Medium	
AT3G15090.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	DVSGEVAAIGTSVK	1412.66643	0.048002	0.6936916	29	6	S(3): 0.2; T(11): 87.5; S(12): 12.3	Low		Low		Medium	

Tabelle B2-c: Identified phosphopeptides in crude extract+MOAC fraction

Color codes:	blue=novel phosphopeptides (from proteins not annotated as phosphoproteins)
	red=novel phosphopeptides (in known phosphoproteins)
	white=known phosphopeptides

(i.e 3 biological & 2 technical replicates)

Protein code	Description	Sequence	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities	Replicate 1	Replicate 2	Replicate 3	Replicate 4	Replicate 5	Replicate 6
AT5G14740.2	carbonic anhydrase 2	GNESYEDAIEALKK	1646.71946	0	0.006829143	78	10	S(4): 1.1; Y(5): 98.9	High	High		High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	DVPIHHPLSELSDR	1694.78691	0	0.000599592	140	12	S(9): 0.0; S(12): 100.0	High	High			High	High
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2269.96469	0	2.26222E-06	33	37	S(1): 95.2; S(7): 2.2; S(8): 2.2; S(12): 0.4; T(17): 0.1	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	2272.07793	0	1.6889E-05	145	26	S(1): 6.1; S(4): 93.9; S(8): 0.0; S(11): 0.0; S(14): 0.0; T(15): 0.0	High	High			High	High
AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	HYSEDVGEVQASQEKPVSPK	2294.02384	0	0.000180173	99	6	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(12): 0.0; S(18): 100.0	High	High		High		
AT1G56220.4	Dormancy/auxin associated family protein	HHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	2354.98525	0	7.29063E-05	36	16	T(3): 13.7; S(5): 57.9; S(9): 13.7; S(10): 13.7; S(15): 1.1; S(19): 0.1	High	High			High	High
AT1G70730.1;AT	Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	ATGAFILTASHNPGGPTEDFGIK	2381.10843	0	0.001074783	53	11	T(2): 0.4; T(8): 86.4; S(10): 13.2; T(17): 0.0	High	High			High	High
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2426.06943	0	5.61157E-05	58	105	S(2): 89.4; S(8): 5.3; S(9): 5.3; S(13): 0.0; T(18): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT1G56220.4	Dormancy/auxin associated family protein	KHHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	2483.08193	0	2.0249E-05	20	16	T(4): 54.5; S(6): 19.8; S(10): 8.1; S(11): 8.1; S(16): 8.1; S(20): 1.2	High	High			High	High
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2506.03141	0	9.55055E-06	44	37	S(2): 95.5; S(8): 52.2; S(9): 52.2; S(13): 0.1; T(18): 0.0	High	High	High		High	High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	2520.22378	0	3.04182E-05	25	3	S(1): 11.9; S(3): 11.9; T(11): 11.9; T(12): 52.2; T(15): 11.9	High					
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2591.13132	0	8.12731E-07	72	12	T(8): 0.0; S(15): 11.3; S(18): 88.7	High	High			High	High
AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSKR	2795.21889	0	2.94277E-11	43	17	S(1): 0.9; S(2): 0.9; S(9): 97.1; S(13): 0.9; T(18): 0.2; S(22): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2832.31510	0	0.000150004	50	19	T(10): 0.3; S(17): 98.8; S(20): 1.0	High	High			High	High
AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	HSEENQSPHHHANNVMEQDQAAEER	3004.19179	0	0.000111394	60	9	S(2): 97.1; S(7): 2.9	High	High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	3342.38857	0	2.13445E-05	36	16	T(4): 96.1; T(11): 3.8; T(27): 0.0	High	High			High	High
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	3471.60715	0	0.000240623	58	24	S(1): 77.3; T(8): 10.5; Y(12): 10.5; T(15): 1.6; T(25): 0.0	High	High				High
AT2G45290.1	Transketolase	TPGHPENFETPGVEATTGPLGQGIANAVGLALAEK	3523.73426	0	0.001275259	6	8	T(1): 29.4; T(10): 11.9; T(16): 29.4; T(17): 29.4	High	High				
AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	YEEMNKPSAPLTSHEPAMIPVAEEPDDSPIHGR	3724.65908	0	1.46417E-05	23	4	Y(1): 0.5; S(8): 0.7; T(12): 0.9; S(13): 1.2; S(28): 96.7	High	High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	AASEEGEAVEEEVK	1556.63347	0	8.73928E-08	143	3	S(3): 100.0		High			High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	NSPMGFGSESGAELEK	1719.68926	0	5.82087E-06	133	6	S(2): 0.0; S(8): 99.6; S(10): 0.4		High				
AT4G15545.1	unknown protein	LTPPGSPPILSASGTPK	1779.83086	0	0.001517897	72	3	T(2): 100.0; S(6): 99.9; S(11): 0.1; S(13): 0.0; T(15): 0.0		High				
AT1G01100.1;AT	60S acidic ribosomal protein family	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	2148.89726	0	5.51523E-05	176	9	S(9): 100.0		High			High	High
AT4G25890.1;AT	60S acidic ribosomal protein family	KKEESEEEEGDFGFDLFG	2171.86724	0	1.91048E-05	105	6	S(5): 100.0		High			High	High
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	2349.93564	0	0.007713913	16	18	S(1): 58.2; S(7): 58.2; S(8): 62.7; S(12): 13.1; T(17): 7.9		High		High	High	High
AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSR	2391.05014	0	4.91943E-05	106	5	S(3): 100.0; S(12): 0.0; Y(13): 0.0; S(18): 0.0; S(20): 0.0		High			High	
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	HVVDEPANEEKPSESSAALSPEK	2530.13578	0	9.25173E-07	82	4	S(13): 0.1; S(15): 0.1; S(16): 0.1; S(20): 99.7		High				
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	LAPAEAVVEDNQKASDIEEGDEVDSK	2838.25266	0	1.78523E-06	77	8	S(15): 100.0; S(25): 0.0		High			High	High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	2991.13694	0	1.95268E-09	83	12	S(9): 86.8; S(10): 13.2; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0		High			High	
AT4G15545.1	unknown protein	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLSASLPLVSQTTTPR	4554.15151	0	0.00011821	13	11	S(2): 2.0; S(3): 2.0; S(6): 2.0; S(10): 2.0; T(18): 2.0; S(28): 2.0; S(30): 2.0; S(32): 2.0; S(37): 13.3; T(39): 13.3; T(40): 13.3;		High				
AT3G57410.1	villin 3	AEALAALTSAFNSSPSSKSPPRR	2425.18265	0	2.06252E-06	33	27	T(8): 0.4; S(9): 3.5; S(13): 12.2; S(14): 47.4; S(16): 12.2; S(17): 12.2; S(19): 12.2			High	High	High	High
AT3G15040.1	Protein of unknown function, DUF584	SLAQSSLLSCSVLEGAGR	1914.89641	0	3.1532E-06	101	10	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(11): 100.0					High	High
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	VDSSGDVCGATFKVDAETKR	2221.97220	0	0.000264756	35	6	S(3): 3.6; S(4): 3.6; T(11): 92.8; T(18): 0.0					High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	2231.92344	0	1.29694E-05	46	5	T(1): 0.5; T(3): 2.5; T(7): 83.0; S(9): 13.4; S(11): 0.5; S(13): 0.0					High	High
AT3G57410.1	villin 3	AEALAALTSAFNSSPSSKSPPR	2269.07975	0	1.86407E-07	57	14	T(8): 1.5; S(9): 1.5; S(13): 1.5; S(14): 1.5; S(16): 10.0; S(17): 73.8; S(19): 10.0					High	High
AT5G55230.1	microtubule-associated proteins 65-1	EEAASSPVSGAADHQVPASP	1986.83745	0	6.2791E-07	113	1	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(19): 100.0						High
AT4G38710.1	glycine-rich protein	TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	2649.51267	0	0.000476253	22	1	T(1): 3.6; S(14): 96.4						High
AT5G53620.1	unknown protein	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	2911.27382	0.000098	0.000601327	12	3	S(3): 6.4; S(5): 9.4; S(18): 68.2; S(23): 16.0	High	High				
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	KSASFHTLDELEVR	1711.80301	0.000372	0.007706783	69	15	S(2): 49.9; S(4): 49.9; T(7): 0.1	High		High	High	High	High
AT5G55160.1	small ubiquitin-like modifier 2	SATPEEDKKPDQGAHINLK	2237.97500	0.000487	0.007982867	31	2	S(1): 100.0; T(3): 100.0		High			High	
AT2G24270.2	aldehyde dehydrogenase 11A3	AGTGLFAEILDGEVYK	1762.82077	0.000503	0.0115286	38	3	T(3): 100.0; Y(15): 0.0	High	Medium		Low		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	3889.86977	0.000644	0.009552013	22	22	S(1): 13.8; S(2): 13.8; T(10): 13.8; S(17): 13.8; S(20): 13.8; S(24): 13.8; S(27): 13.8; S(30): 2.9; T(31): 0.8					High	High
AT1G45207.2	Remorin family protein	GWSSERVPLR	1266.59882	0.00075	0.01489954	38	24	S(3): 50.0; S(4): 50.0	High	Low	High	Low	High	High
AT4G15545.1	unknown protein	LTPPGSPPILSASGTPK	1699.86406	0.000865	0.01475848	50	12	T(2): 0.1; S(6): 98.0; S(11): 0.6; S(13): 0.6; T(15): 0.6	Medium	High			Low	Low
AT1G01100.1;AT	60S acidic ribosomal protein family	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	2836.31522	0.000976	0.01672018	48	4	S(1): 25.0; T(2): 25.0; S(9): 25.0; Y(10): 25.0; T(23): 0.0		High				
AT4G27320.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	IHHPSSPRHSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	3186.46711	0.001023	0.02709117	11	32	S(5): 9.2; S(6): 19.1; S(10): 9.2; S(14): 9.2; S(15): 9.2; S(16): 9.2; T(17): 9.2; S(19): 9.2; T(22): 9.2; T(24)	Low	High	Low	Low		
AT3G15040.1	Protein of unknown function, DUF584	LPFSASFVGGGKYPQSAPVQVPLVSSAMMNR	3302.60337	0.00103	0.02749548	28	5	S(4): 2.7; S(6): 5.6; Y(13): 12.5; S(16): 78.5; S(25): 0.3; S(26): 0.3					High	
AT3G54280.1	DNA binding;ATP binding;nucleic acid binding;binding;helicases;ATP binding;DNA bin	GTLEEKVMSLQK	1442.68913	0.001053	0.01804912	67	6	T(2): 0.0; S(9): 100.0		Medium	High	Medium	Medium	Low
AT5G36210.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	SNPITTIVEVNLSGETLEEPK	2350.15468	0.00135	0.05043668	17	2	S(1): 1.9; T(5): 1.9; T(6): 1.9; S(13): 11.7; T(16): 82.5					High	
AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	2528.31704	0.001472	0.05983063	23	14	S(1): 0.3; T(6): 1.6; S(13): 10.5; T(18): 87.5		Low	High	High	High	Medium
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	GRPGYGEASEEDKFPAR	1945.84146	0.001813	0.0521044	50	1	Y(5): 0.6; S(9): 99.4		High				
AT5G04740.1	ACT domain-containing protein	VMADVNIDVESAEIDTEGLVAK	2398.11172	0.002081	0.06752409	10	4	S(11): 15.7; T(16): 84.3	High		Medium		Low	Medium
AT1G13960.2	WRKY DNA-binding protein 4	DNTANINGSSINNNRGSSELGASQFQTNSSNK	3406.47749	0.002885	0.08232457	3	2	T(3): 7.9; S(9): 8.7; S(10): 7.9; S(17): 8.7; S(18): 8.7; S(23): 18.6; T(27): 13.2; S(29): 13.2; S(30): 13.2		High				
AT4G12420.1	Cupredoxin superfamily protein	RPLTGPAKVATSIINGTYR	2175.06754	0.002939	0.08369295	36	3	T(4): 99.1; T(11): 7.4; S(12): 91.8; T(17): 0.9; Y(18): 0.9	Low	High				
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAAGGAAAAAPAKEEK	3597.72800	0.003319	0.09366553	15	2	T(3): 4.4; S(21): 95.6					High	
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	RDVPIHHPLSELSDR	1850.89048	0.00397	0.1225437	20	8	S(10): 50.0; S(13): 50.0	High	Medium			High	High
AT5G20935.1	unknown protein	TAASMPCLRANSGLVKPGDVGR	2337.10903	0.005144	0.09900506	8	2	T(1): 43.6; S(4): 43.6; S(12): 12.9			High			
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	KPLVPSGPKTLSNETKTVVQVR	2458.33169	0.005144	0.1004732	22	1	S(6): 58.6; T(10): 18.9; S(12): 18.9; T(15): 2.9; T(17): 0.8			High			
AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	AKPVAAPVASSNPSGAAITGATASDAPKAGSR	3038.44326	0.005145	0.1528469	5	18	S(10): 23.3; S(11): 23.3; S(14): 30.2; T(19): 23.9; T(22): 23.9; S(24): 22.9; S(31): 52.5	Low	Low	Low			
AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	AFAEALDSVPMALAENSGLQPIETLSAVK	3052.48304	0.005996	0.1887336	8	1	S(8): 16.4; S(17): 16.4; T(24): 50.7; S(26): 16.4		High				
AT1G79420.1	unknown protein	GQDLRLLLGVLGCPLAPISVVVSDLFPDDPLLGSFQIK	4142.17634	0.007277	0.176545	2	1	S(19): 28.9; S(23): 42.2; S(34): 28.9			High			
AT3G20970.1	NFU domain protein 4	GIARLVTSLSR	1252.67365	0.007601	0.2320234	36	6	T(7): 8.0; S(8): 84.1; S(10): 8.0	Low	High				
AT4G18810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	MEVSSSLKLSSSLSPSIIKLQGSSSSIDIK	3268.60048	0.009184	0.2755892	2	12	S(4): 17.3; S(5): 17.3; S(6): 17.3; S(10): 17.3; S(11): 17.3; S(12): 17.3; S(14): 17.3; S(16): 17.3; S(23): 15	Low		High			
AT1G74920.1;AT	aldehyde dehydrogenase 10A8 / 9	SPLIVFDDVDLDK	1555.73259	0.009502	0.2584146	70	2	S(1): 100.0	High					
AT5G66130.1	RADIATION SENSITIVE 17	VVDFLHENVLDFVSDGAIEDAWCVSSYLADADLLLADIR	4446.07680	0.009502	0.2584925	6	17	S(14): 50.9; S(25): 16.4; S(26): 16.4; Y(27): 16.4	High	Medium				
AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	ASQNNSYDNKSPLHKNSYDGTGK	2605.12343	0.009553	0.2057424	8	2	S(2): 24.5; S(6): 24.5; Y(7): 24.5; S(11): 7.5; S(17): 7.5; Y(18): 7.5; T(21): 3.8						High
AT1G23170.1	unknown protein	SIATTAALLAATGFAGAAALSANPEAIAYLK	3079.50307	0.010211	0.3100079	1	6	S(1): 41.3; T(4): 41.3; T(5): 34.0; T(12): 34.0; S(21): 26.1; Y(29): 23.1	Low	Medium				
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	AQPRPPSPSLTAQR	1585.78459	0.010558	0.2336913	49	3	S(7): 8.4; S(9): 90.6; T(11): 1.0					Medium	
AT5G01220.1	sulfoquinovosyldiacylglycerol 2	FKPDIIHASSPGVMVFGALAIAK	2449.26725	0.011226	0.331174	8	2	S(9): 23.7; S(10): 76.3		Medium				
AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSK	2639.10903	0.011263	0.2284311	7	2	S(1): 10.8; S(2): 10.8; S(9): 58.9; S(13): 10.8; T(18): 5.8; S(22): 2.8						Medium
AT4G27320.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	HSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	2274.99477	0.011442	0.3430546	8	40	S(2): 8.8; S(6): 8.8; S(7): 8.8; S(8): 8.8; T(9): 8.8; S(11): 8.8; T(14): 8.8; T(16): 29.8; T(18): 8.8	Low	Medium	Medium	Low	Medium	Low
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	LFLFPSSPISGGFGSEGSTK	2094.97563	0.012299	0.2569543	34	6	S(6): 1.0; S(7): 1.0; S(10): 96.5; S(15): 1.0; S(18): 0.3; T(19): 0.3						Medium
AT1G62290.1	Saposin-like aspartyl protease family protein	SYNNNLGGDSGDADIVPLKNYLDAQYYGEIAIGTPPQK	4310.87019	0.013098	0.277507	2	1	S(1): 29.8; Y(2): 29.8; S(10): 34.9; Y(21): 43.2; Y(26): 54.1; Y(27): 54.1; T(34): 54.1					Medium	
AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase family protein	HAEARHHSRDTPILEIVSFGSELSNR	3038.45717	0.014648	0.4055292	3	133	S(8): 27.3; T(11): 27.3; S(18): 15.1; S(21): 15.1; S(24): 15.1	Medium	Medium	Medium	Low	Low	Low
AT2G48160.1	Tudor/PWWP/MBT domain-containing protein	SAEEGTLGSAENTTLMPQVIEIPTATSLTQMNSDPSHGR	4150.91233	0.014702	0.406737	11	2	S(1): 3.2; T(6): 3.3; S(9): 3.6; T(13): 4.3; T(14): 3.6; T(24): 5.5; T(26): 5.5; S(27): 5.5; T(29): 5.5; S(33): 20.7; S(36): 39.1		Medium				
AT3G28710.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	AVNITINSIGTELTR	1681.86216	0.015828	0.3155473	37	30	T(5): 0.0; S(8): 77.3; T(11): 11.3; T(14): 11.3	Low	Low	Low	Low	Medium	Low
AT3G09840.1	cell division cycle 48	TVFIIGATNRPDIIDSALLRPGRLDQLIYIPLPDEDSR	4583.17600	0.016937	0.4594217	2	3	T(1): 81.0; T(8): 72.3; S(16): 81.0; Y(29): 81.0; S(37): 84.9		Low				
AT1G73610.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	SYETIAPQIIENIKAK	1977.93410	0.017056	0.3870838	30	18	S(1): 50.3; Y(2): 50.3; T(4): 99.3	Medium	Medium	Low	Low	Low	Low

AT1G06530.1	Tropomyosin-related	TELQKWITEKMVVEDSLK	2257.11440	0.019203	0.4362422	23	1	T(1): 0.5; T(8): 0.6; S(16): 98.9								Medium
AT2G41110.1	calmodulin 2	ADQLTDDQISEFK	1589.66288	0.019757	0.513722	50	5	T(5): 100.0; S(10): 0.0	Low	Medium				Medium	Low
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	QFTGQSLAFGKVIKQIK	1973.05405	0.02041	0.4607051	40	7	T(3): 50.0; S(6): 50.0		Low	Low	Low	Low	Low	Medium
AT3G01280.1	voltage dependent anion channel 1	EDLIASLTVNDKGDLLNASYYHIVNPLFNTAVGAEVSHK	4468.05385	0.023357	0.5624166	1	3	S(6): 44.2; T(8): 42.5; S(19): 42.2; Y(20): 42.2; Y(21): 42.2; T(30): 44.7; S(37): 42.2		Medium					
AT2G22400.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	EIRKNQTLER	1366.68921	0.02499	0.5231273	38	1	T(7): 100.0	Medium						
AT3G25860.1	2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	VDIESVAGTGPFGR	1484.67414	0.027548	0.5547343	12	1	S(5): 15.9; T(9): 84.1	Medium						
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	DLGSASPPVARPVR	1501.74773	0.027763	0.6013359	38	4	S(4): 10.2; S(6): 89.8						Low	Medium
AT3G01120.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	ALALGADLVVHSATK	1625.76175	0.027871	0.5627811	11	2	S(12): 100.0; T(14): 100.0	Medium			Low			
AT3G12580.1	heat shock protein 70	VQDLLLLDVTPLSLGLETAGGVMTVLIPRNTTIPTKK	4157.14858	0.028558	0.6314218	2	1	T(10): 49.9; S(13): 49.9; T(18): 46.5; T(24): 38.4; T(31): 38.4; T(32): 38.4; T(35): 38.4		Medium					
AT3G48770.1	DNA binding;ATP binding	LGHGNNSPGIYAFLPTEMVTNFPFIIQADFILASSR	4017.97043	0.030701	0.6468782	10	1	S(7): 14.5; Y(11): 56.7; T(16): 14.5; T(20): 4.8; S(34): 4.8; S(35): 4.8		Medium					
AT4G33090.1	aminopeptidase M1	LNPDLIACTFTGTVAIDLDIVADTR	2784.35245	0.030803	0.6501067	19	4	T(9): 57.1; T(11): 20.8; T(13): 20.8; T(24): 1.4	Low	Medium					
AT5G61780.1	TUDOR-SN protein 2	VVVTEVLGGGRFYVQTVGDQKVASIQNQLAALSLK	3927.93564	0.030953	0.6523725	10	1	T(4): 77.3; Y(13): 46.0; T(16): 46.0; S(24): 49.7; S(33): 81.0		Medium					
AT5G42020.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	ARSFGANSTVVLAIIFFGCLFAFSTAK	3055.44668	0.031338	0.6557734	0	18	S(3): 40.0; S(8): 40.0; T(9): 40.0; S(24): 40.0; T(25): 40.0	Low	Low	Medium				
AT4G30630.1	unknown protein	LSESGGLEVPRKPSGERK	2006.01230	0.031388	0.6183366	32	1	S(2): 0.1; S(4): 0.2; S(14): 99.7	Medium						
AT1G21650.3	Preprotein translocase SecA family protein	TGEGKTLVSTLAAYLNALTGEGVHVVTVNDYLAQR	3980.81557	0.032771	0.6763011	3	7	T(1): 46.6; T(6): 49.2; S(9): 50.8; T(10): 51.3; Y(14): 50.2; T(19): 52.0; T(27): 52.4; Y(31): 47.5		Medium					
AT5G64090.1	unknown protein	ASHDLNPQAILATR	1586.76555	0.035	0.6582299	57	1	S(2): 0.0; T(13): 100.0	Medium						
AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family protein	ASSVVKESFSKLDTSEDSAGAAPLLK	2797.30239	0.035369	0.7057733	17	2	S(2): 17.4; S(3): 17.4; S(8): 66.9; S(10): 66.9; T(14): 10.4; S(15): 10.4; S(18): 10.4	Low	Medium					
AT5G11670.1	NADP-malic enzyme 2	LLIDNVEELLPVVYTPTVGEACQKYGSIFR	3503.75095	0.038765	0.7365789	12	3	Y(14): 47.3; T(15): 13.2; T(17): 13.2; Y(25): 13.2; S(27): 13.2		Medium					
AT5G20700.1	Protein of unknown function (DUF581)	ISELLVGVNRSTAAPFFDVLMTSPKSPLDFK	3539.72312	0.038956	0.7528603	6	3	S(2): 42.6; S(11): 42.6; T(12): 42.6; T(22): 24.1; S(23): 24.1; S(26): 24.1							Medium
AT5G35630.1	glutamine synthetase 2	SKSRTIEKPVEDPSELPK	2200.02555	0.04041	0.7502932	4	2	S(1): 50.0; S(3): 50.0; T(5): 50.0; S(14): 50.0		Medium		Low			
AT1G80380.3	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	GNAGSHDLKLSVETLEALSKLTK	2491.28416	0.043032	0.7887968	36	1	S(5): 0.2; S(11): 0.1; T(14): 0.2; S(19): 9.4; T(22): 90.1			Medium				
AT4G28910.2	novel interactor of JAZ	SDSGQQPPQNFFNDLSKAPTTEAEASTKPLWVEDESR	4266.85438	0.044161	0.7314337	0	1	S(1): 25.0; S(3): 25.0; S(16): 25.0; T(20): 25.0; T(21): 25.0; S(26): 25.0; T(27): 25.0; S(36): 25.0	Medium						
AT3G48750.1	cell division control 2	TNSLKLADFGLARAFGIPVR	2226.18178	0.045148	0.610872	16	1	T(1): 50.0; S(3): 50.0						Medium	
AT2G24520.1	H(+)-ATPase 5	LGMGTNMYPSSALLGQVKDSSLGALPVDELIEK	3513.71717	0.046113	0.7480564	6	2	T(5): 11.2; Y(8): 11.2; S(10): 27.6; S(11): 27.6; S(20): 11.2; S(21): 11.2	Medium						
AT1G51910.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	SGHVLSWENRMQIAMEAAQGLEYLHNGSRPPMVHR	4081.91782	0.049239	0.813592	2	5	S(1): 30.0; S(6): 30.0; Y(23): 20.0; S(28): 20.0		Medium	Low				Low
AT4G34740.1	GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	MAATSSISSSLSLNAKPNKLSNNNNNNKPHRFLR	3965.82387	0.049336	0.8146052	5	5	T(4): 49.2; S(5): 49.2; S(6): 49.2; S(8): 30.5; S(9): 30.5; S(10): 30.5; S(12): 30.5; S(21): 30.5	Low	Medium					
AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 1	ESSILKSPNLSSPSFGVPSIPALSSSSTSPFSSLHLR	4120.82700	0.04948	0.8151267		1	Too many isoforms		Medium					

Tabelle B2-d: Identified phosphopeptides in PAPE (40%AS+MOAC) fraction

Color codes:	blue=novel phosphopeptides (from proteins not annotated as phosphoproteins)
	red=novel phosphopeptides (in known phosphoproteins)
	white=known phosphopeptides

(i.e 3 biological & 2 technical replicates)

Protein code	Description	Sequence	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	# PSMs	pRS Site Probabilities	Replicate 1	Replicate 2	Replicate 3	Replicate 4	Replicate 5	Replicate 6
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	ISTEKAASEEGEAVEEEVK	2114.93437	0	0.001124679	172	36	S(2): 0.0; T(3): 0.0; S(8): 100.0	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	2786.25107	0	2.0553E-07	69	9	S(2): 0.3; T(3): 0.3; S(8): 99.5	High	High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2591.13938	0	2.21174E-07	97	9	T(8): 0.0; S(15): 99.7; S(18): 0.3	High	High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	EVEKISTEKAASEEGEAVEEEVK	2600.17765	0	0.000184025	80	27	S(6): 0.2; T(7): 0.2; S(12): 99.6	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	2832.31931	0	6.03333E-07	81	35	T(10): 0.0; S(17): 99.8; S(20): 0.2	High	High	High	High	High	High
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	TVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	2684.14835	0	2.54806E-05	73	40	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(14): 96.0; S(15): 3.9; S(18): 0.0; S(19): 0.1	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	2451.00107	0	8.89552E-11	139	9	T(1): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 0.0; S(15): 100.0; S(17): 0.0	High	High				
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	AHQNQTTNQTVFLKPAKVHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	4898.13100	0	0.001270222	18	86	T(6): 6.0; T(7): 6.0; T(10): 6.0; S(26): 15.4; S(27): 45.5; T(33): 15.4; S(36): 2.7; Y(40): 1.5; Y(41): 1.5	High	High	High	High	High	High
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	KSASFHTLDELEVR	1711.80429	0	0.00017799	38	18	S(2): 14.9; S(4): 70.2; T(7): 14.9	High	High	High	High	High	High
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	DVPIHHPLSELSDREESR	2196.00400	0	0.00699067	4	16	S(9): 74.3; S(12): 18.1; S(17): 7.6	High	High	High	High	High	High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SADAPPSLKKSVSTPFMNTTAK	2358.13785	0	0.000381021	50	22	S(1): 0.0; S(7): 0.0; S(11): 4.4; S(13): 75.6; T(14): 17.5; T(19): 1.2; T(20): 1.2	High	High	High	High		
AT1G04080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	SQVDGSTEQSPKLESASSTEPEELKK	2871.30539	0	3.68495E-07	41	12	S(1): 0.2; S(6): 2.5; T(7): 7.4; S(10): 79.4; S(15): 7.4; S(17): 2.5; S(18): 0.4; T(19): 0.2	High	High				
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	SLRKSEDHVENNLSAK	1906.90066	0	0.000123999	43	8	S(1): 14.6; S(5): 85.4; S(14): 0.1	High	High		Medium		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	3342.40517	0	0.000179635	20	22	T(4): 90.6; T(11): 8.5; T(27): 0.9	High	High	High	High	High	High
AT4G22670.1	HSP70-interacting protein 1	SFVVEESDDDMDETEEVKPK	2407.96953	0	7.73484E-08	109	10	S(1): 0.0; S(7): 100.0; T(14): 0.0		High		High		
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	DLCDAELKTVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	3628.58567	0	1.6033E-08	59	36	T(9): 0.0; T(14): 1.2; S(22): 75.4; S(23): 17.7; S(26): 4.5; S(27): 1.2		High	High	High		High
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	2991.14023	0	2.48433E-09	75	24	S(9): 85.8; S(10): 14.2; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0		High	High	High	High	High
AT1G01100.1;AT5	60S acidic ribosomal protein family	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	2148.89873	0	0.000337345	200	29	S(9): 100.0		High	High	High	High	High
AT3G19420.1	PTEN 2	ETENPDKDDVFSDNEGDSTGPTKTTSSASSQTPEAK	3852.59983	0	0.001018508	33	61	T(2): 2.1; S(12): 81.0; S(18): 4.6; T(19): 4.6; T(22): 4.6; T(24): 1.0; T(25): 1.0; S(26): 0.5; S(27): 0.3; S(29): 0.1; S(30): 0.1; T(32): 0.		High	High	High		
AT2G27720.1;AT2	60S acidic ribosomal protein family	KEEKEESDDDMGFSLFE	2114.81279	0	1.90187E-06	136	4	S(7): 100.0; S(14): 0.0		High				
AT3G43300.2	HOPM interactor 7	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	2694.19663	0	2.40153E-06	40	35	S(1): 3.3; S(2): 3.3; T(7): 30.0; S(10): 30.0; S(11): 30.0; Y(13): 3.3; T(19): 0.1; S(23): 0.0		High	High	High	High	High
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	3471.62290	0	1.77592E-05	62	28	S(1): 97.7; T(8): 1.1; Y(12): 1.1; T(15): 0.0; T(25): 0.0		High	High	High		
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	SGGSKYQSTYEGYGSPIREEPPPPVSYSEPQSR	3760.63877	0	0.000244446	50	62	S(1): 0.0; S(4): 0.0; Y(6): 0.1; S(8): 0.7; T(9): 3.0; Y(10): 13.6; Y(13): 13.6; S(15): 68.9; Y(25): 0.1; S(26): 0.1; Y(27): 0.0; S(28): 0.0;		High	High	High	High	High
AT4G02510.1	translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	KVVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	2724.25870	0	0.000193086	89	6	S(7): 100.0; S(22): 0.0; S(23): 0.0		High	High	High		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	AASEEGEAVEEEVK	1556.63506	0	0.000687054	146	2	S(3): 100.0			High	High		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	3311.49355	0	0.002767497	58	8	S(1): 0.6; S(10): 98.8; T(18): 0.6			High	High		High
AT5G55210.1	unknown protein	EKVISKDSEIEETEEFDTESPLPK	2859.30375	0	0.001613139	40	5	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.2; T(18): 9.8; S(20): 89.9				High		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	2231.92508	0.00013	0.000435515	28	7	T(1): 0.3; T(3): 0.7; T(7): 16.1; S(9): 62.0; S(11): 16.1; S(13): 4.8	High	High				
AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	LSEDTGSPHHHADILMVQEK	2324.03153	0.00013	0.001237915	22	9	S(2): 12.8; T(5): 74.5; S(7): 12.8	Medium	High				
AT1G21080.3	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	AELHKLNGNGQEHDHSSTSPKSDEASR	3011.31923	0.00013	0.001165935	19	55	S(16): 46.2; S(17): 16.5; T(18): 16.5; S(19): 16.5; S(22): 2.9; S(26): 1.4	High	High	High	High	Medium	Medium
AT4G25890.1;AT5	60S acidic ribosomal protein family	KKEESEEEEGDFGFDLFG	2171.87139	0.00013	0.000336983	85	19	S(5): 100.0		High	High	High	High	High
AT5G40450.1	unknown protein	TEEDENDDEDHEHKDDKTSPDSIVMVEAK	3437.38735	0.00013	0.000361432	12	16	T(1): 61.9; T(18): 12.7; S(19): 12.7; S(22): 12.7		High	High	High		
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	VHLSESPKAASSTQEAER	2006.91483	0.000141	0.001733861	61	13	S(4): 13.8; S(6): 86.2; S(11): 0.0; S(12): 0.0; T(13): 0.0	High	High	High	High	High	High
AT1G01320.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	NSVVSLGKSPSYKEVALAPPGSIAK	2579.34610	0.000356	0.003706113	30	5	S(2): 0.2; S(5): 6.0; S(9): 6.0; S(11): 43.3; Y(12): 43.3; S(22): 1.1		High				
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	AQPRPPSPSLTAQR	1585.78240	0.000425	0.01321627	88	21	S(7): 0.6; S(9): 98.8; T(11): 0.6	High	High	High	High	High	High
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	2556.10105	0.000425	0.005019739	59	6	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 0.3; S(16): 4.6; S(20): 95.1				High		
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	SLSASGSFRNDSTPKAAQR	2059.95151	0.000701	0.01515878	30	10	S(1): 0.8; S(3): 5.9; S(5): 19.3; S(7): 71.1; S(12): 0.8; T(13): 2.1	High	High	High	High		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	RDVPIHHPLSELSDREESR	2352.10805	0.000701	0.01069394	20	6	S(10): 23.3; S(13): 67.4; S(18): 9.2	High		Low			Medium
AT1G01320.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	STQPSSGNAKTAGETSEEDGLKTDASSVEPPTLSSTVQSEAYHTK	4690.11245	0.000811	0.04504684	41	10	S(1): 2.7; T(2): 2.7; S(5): 2.7; S(6): 2.7; T(11): 2.7; T(15): 17.1; S(16): 17.1; T(23): 17.1; S(26): 17.1; S(27): 17.1; T(32): 0.5; S(34): 0.1; S(35): 0.1; T(36): 0.1; S(39): 0				High		
AT3G11130.1;AT3	Clathrin, heavy chain	EYSGKVDELIK	1360.63437	0.000811	0.04561926	49	6	Y(2): 99.7; S(3): 0.3				High	Low	Low
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	3092.26967	0.001083	0.01906733	13	5	S(1): 1.6; T(8): 36.0; T(10): 36.0; T(14): 6.6; S(16): 6.6; S(18): 6.6; S(20): 6.6		High				
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	RDVPIHHPLSELSDR	1850.89052	0.001195	0.05829577	24	6	S(10): 19.7; S(13): 80.3			High	Low		
ATMG00285.1	NADH dehydrogenase 2A	KSEFSTEAGSK	1250.52198	0.001809	0.09635145	66	3	S(2): 0.0; S(5): 9.0; T(6): 91.0; S(10): 0.0		Low		High		
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	DVPIHHPLSELSDR	1694.79032	0.001903	0.07779561	53	2	S(9): 2.7; S(12): 97.3			High	High		
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	AATASSLTIASSFSEPRTQIHSSRR	2821.29713	0.00203	0.1081911	13	1	T(3): 13.1; S(5): 23.4; S(6): 40.6; T(8): 40.6; S(11): 24.9; S(12): 18.9; S(14): 13.6; T(18): 13.6; S(22): 5.7; S(23): 5.7						High
AT5G63000.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17/Tim22/Tim23 farr	LAGNPNWGTATVVGVFAGLLYGGSKEASASVSKDAEVMLK	4075.00610	0.002108	0.01678599	10	3	T(9): 44.4; T(11): 19.4; Y(21): 10.2; S(24): 6.5; S(28): 6.5; S(30): 6.5; S(32): 6.5					High	
AT1G20620.1	catalase 3	MDPYKYRPSSAYNAPFYTTNGGAPVSNNISSLTIGER	4118.89516	0.002241	0.04873965	47	14	Y(4): 2.0; Y(6): 2.0; S(9): 15.6; S(10): 15.6; Y(12): 15.6; Y(17): 15.6; T(18): 15.6; T(19): 15.6; S(26): 2.0; S(30): 0.3	High			Low	Low	Low
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 29A	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	3889.87636	0.002315	0.05458935	22	15	S(1): 3.7; S(2): 3.7; T(10): 17.6; S(17): 17.6; S(20): 17.6; S(24): 17.6; S(27): 17.6; S(30): 3.7; T(31): 1.0	High	High	High			
AT4G15545.1	unknown protein	LTPPGSPPILSASGTPK	1699.86125	0.002479	0.1215199	38	15	T(2): 1.0; S(6): 96.1; S(11): 1.0; S(13): 1.0; T(15): 1.0	Low		Medium	High		
AT5G45510.2	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	SGEHAEGEANDSQSGEKKEDTDGEDEIR	3099.21767	0.002641	0.1243743	45	3	S(1): 0.0; S(12): 3.2; S(14): 15.3; T(21): 81.4				High		
AT5G09600.2	succinate dehydrogenase 3-1	TMQVSPELSGRSKPVVNDILGTGLGTNNAIR	3304.68549	0.002651	0.05597817	11	4	T(1): 9.1; S(5): 9.1; S(9): 31.8; S(12): 31.8; T(22): 9.1; T(26): 9.1					High	
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	SPPVPSLFGKDVEFVGVEPEGTER	2652.25083	0.002772	0.09919538	68	4	S(1): 90.3; S(6): 9.7; T(22): 0.0			High			
AT1G76850.1	exocyst complex component sec5	LITESSGSPSKAEKVDNTLR	2212.07865	0.003302	0.07396674	27	2	T(3): 1.6; S(5): 4.9; S(6): 4.9; S(8): 70.8; S(10): 17.2; T(18): 0.6	High					
AT4G15545.1	unknown protein	SEIEEEEEEGSASAITGSR	2089.83011	0.0036	0.1602179	42	1	S(1): 98.3; S(11): 1.3; S(13): 0.4; T(16): 0.0; S(18): 0.0				High		
AT1G16630.1	unknown protein	SNDSGESMASSASEYSIGSVSYGSFTTYEK	3927.97620	0.00369	0.08827657		8	Too many isoforms	High					
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	VVVGGSELTSSPKEIKNVEVEK	2408.23899	0.004163	0.1029287	14	2	S(6): 9.4; T(9): 20.2; S(10): 20.2; S(11): 50.2	High					
AT3G18780.2	actin 2	AEADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	3070.31753	0.00444	0.09388046	45	2	T(15): 100.0		High	Low			
AT5G09810.1;AT2	actin 1 / 7	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	3056.32534	0.005154	0.1148702	36	5	T(15): 100.0	High		Low	Medium	Low	Low
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SYKPPVPGRSDSPK	1594.76108	0.005244	0.1820536	29	5	S(1): 0.1; Y(2): 0.1; S(10): 17.8; S(12): 81.9			Low	High		
AT5G56180.1	actin-related protein 8	TVVLTGGSACLPGLSER	1796.85564	0.005762	0.1187534	68	2	T(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 0.1; S(15): 99.8	Medium	High				
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	SEVSPERETELDSVEEEVDSK	2473.04770	0.006286	0.1880014	59	6	S(1): 0.3; S(4): 1.0; T(9): 98.7; S(13): 0.1; S(20): 0.0			High	Medium		
AT4G17470.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	VRFISVPGGHIEITEEDLVKYVVPYLQNESLFSSEHETI	4794.14533	0.006739	0.2294481	0	3	S(5): 50.2; T(14): 49.9; Y(21): 50.1; Y(25): 49.9; S(30): 50.2; S(33): 50.1; S(34): 49.9; T(38): 49.9						High
AT3G55650.1	Pyruvate kinase family protein	TLGMVSLPLSPIESLAASVVSTAQSVFASAIVVLTK	3746.92396	0.006935	0.1494829	7	3	T(1): 15.5; S(6): 15.6; S(10): 15.6; S(14): 15.8; S(18): 16.1; S(21): 19.6; T(22): 22.3; S(25): 22.3; S(29): 25.1; T(35	High	Low				
AT1G49240.1	actin 8	ADADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	3056.32534	0.008319	0.1784335	36	3	T(15): 100.0	High			Low		Low
AT3G50370.1	unknown protein	QALDSSASGLNAMQKTVSGGSFENR	2635.18520	0.008406	0.231651	3	3	S(5): 16.7; S(6): 16.7; S(8): 16.7; T(16): 16.7; S(18): 16.7; S(21): 16.7		Low		Medium		
AT1G73270.1	serine carboxypeptidase-like 6	SERNPKEDPLLLWLTGGPGCSAISGLLYENGPLTMK	4073.92380	0.008647	0.1906116	7	5	S(1): 26.1; T(15): 44.6; S(21): 27.0; S(24): 25.6; Y(28): 27.8; T(34): 48.9					High	
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	KSVSTPFMNTTAK	1491.68889	0.008768	0.1914486	49	3	S(2): 0.5; S(4): 86.1; T(5): 13.3; T(10): 0.0; T(11): 0.0	High					
AT5G65600.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	ADSRIGLVIGISASGFVFLTFMVITTVVVWSR	3761.74635	0.010728	0.2635143	12	1	S(3): 87.4; S(12): 31.4; S(14): 51.4; T(20): 35.6; T(25): 44.0; T(26): 65.7; S(31): 84.4						Medium
AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family protein	ASSVVKESFSKLDTSEDSAGAAPLLK	2797.29824	0.012801	0.2786565	22	2	S(2): 8.7; S(3): 8.7; S(8): 75.1; S(10): 75.1; T(14): 10.8; S(15): 10.8; S(18): 10.8			Medium		Low	
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	SVSTPFMNTTAK	1363.59453	0.012817	0.2694787	35	7	S(1): 4.3; S(3): 91.2; T(4): 4.3; T(9): 0.0; T(10): 0.0	Medium	Medium	Low	Low		
AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	LANVASLGFGAIVSAGREISPGPQIIQRDPHR	3566.70774	0.014033	0.273412	8	1	S(6): 100.0; S(14): 100.0; S(20): 100.0	Medium					
AT2G38390.1	Peroxidase superfamily protein	TAFADVGLNRPSDLVALSGGHTFGKAQCQFVTPR	3697.77138	0.015168	0.3102354	3	2	T(1): 15.4; S(12): 26.4; S(18): 21.0; T(22): 21.0; T(32): 16.2						Medium
AT4G01985.1	unknown protein	KGGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGGGAGGAIGGGASGG	3587.69455	0.015876	0.3059332	0	1	S(23): 49.0; S(43): 51.0				Medium		
AT3G02830.1	zinc finger protein 1	NKAGIAGRVSLNMLGYPLR	2110.10227	0.016331	0.3097203	47	1	S(10): 100.0; Y(16): 0.0				Medium		
AT1G49880.1	Erv1/Alr family protein	NTPPSSQSTIQNPIISLDSSPPIATNSSSLQK	3389.65894	0.016405	0.3638449	0	2	T(2): 8.3; S(5): 8.3; S(6): 8.3; S(8): 8.3; T(9): 8.3; S(16): 8.3; S(19): 8.3; S(20): 8.3; T(25): 8.3; S(27): 8.3; S(28): 8.3; S(29): 8.3		Medium				
AT4G10955.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	SVAGSLVQGIYVAER	1628.81069	0.017624	0.3935348	20	1	S(1): 17.7; S(5): 77.2; Y(11): 5.1		Medium				
AT1G64790.1	ILITYHIA	SPIVSAAAFENLVK	1525.75934	0.017784	0.3293382	48	5	S(1): 10.3; S(5): 89.7		Medium	Medium	Low	Low	Medium
AT3G11050.1	ferritin 2	ASPALSLLSSGYTGGGNLFPPSR	2329.11054	0.018067	0.3966558	19	1	S(2): 1.0; S(6): 1.9; S(9): 5.6; S(10): 5.6; Y(12): 5.6; T(13): 5.6; S(22): 74.8		Medium				

AT3G62010.2	unknown protein	YDGAIMVIHETKDGQIFDLWENVDADSVQTPLEVYK	4218.94483	0.019352	0.3490795	5	2	Y(1): 22.4; T(11): 22.4; S(27): 22.4; T(30): 22.4; Y(35): 10.2							Medium
AT2G07170.1	ARM repeat superfamily protein	ESSELFSTSDFKVK	1683.76023	0.020976	0.4405586	13	3	S(2): 5.0; S(3): 5.0; S(7): 30.0; T(8): 30.0; S(9): 30.0		Medium					
AT5G11670.1	NADP-malic enzyme 2	LLIDNVEELLPVVYTPTVGEACQKYGSIFR	3503.75827	0.021628	0.3761999	26	7	Y(14): 1.5; T(15): 7.1; T(17): 7.1; Y(25): 42.1; S(27): 42.1	Low				Low		
AT5G19900.1	PRLI-interacting factor, putative	KSGGIAELVSPCPVTPAVLPTPMFSPSREVLGDMAK	3898.84861	0.02365	0.3842088	1	2	S(2): 32.9; S(10): 32.9; T(15): 36.2; T(21): 36.2; S(25): 32.5; S(27): 29.3							Low
AT4G34310.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	WHGSLVARLLLEDLKLPLSDSVSDWSSSLLATVSHASK	4198.17641	0.024455	0.3914389	5	1	S(4): 27.5; S(19): 8.9; S(21): 8.0; S(23): 8.0; S(26): 8.0; S(27): 8.0; S(28): 8.0; T(32): 8.0; S(34): 8.0; S(37): 8.0						Medium	
AT2G01690.1	ARM repeat superfamily protein	VVARETNEELRSIHVEPSDGFDVGAILSVAR	3525.67152	0.025437	0.4178493	0	2	T(6): 35.1; S(12): 35.1; S(18): 62.8; S(28): 67.0	Medium						
AT2G27710.1	60S acidic ribosomal protein family	LASVPSGGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESKK	2796.31198	0.025881	0.4250452	9	2	S(3): 73.7; S(6): 14.0; S(16): 2.9; T(18): 2.9; S(19): 2.9; S(28): 1.8; S(32): 1.8	Medium						
AT4G38770.1	proline-rich protein 4	KEVPPPVPVYKPPPK	1751.95328	0.026158	0.4063287	34	1	Y(10): 100.0							Medium
AT5G07740.1	actin binding	SVYASALAIPAICSTSQAPTSSPTPPPPPPAYYSVGQK	4018.84348	0.02894	0.5594942	9	10	S(1): 6.6; Y(3): 6.6; S(5): 6.6; S(14): 13.8; T(15): 13.8; S(16): 13.8; T(20): 13.8; S(21): 13.8; S(22): 13.8; T(24): 13.8; Y(32): 27.8; Y(		Medium					
AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 1	ESSILKSPNLSSPSFGVPSIPALSSSSTSPFSSLHLR	3880.94007	0.029717	0.5703144	2	3	S(2): 7.1; S(3): 7.1; S(7): 7.1; S(11): 7.1; S(12): 7.1; S(14): 7.1; S(19): 11.7; S(24): 7.1; S(25): 7.1; S(26): 5.3; S(27): 5.3; T(28): 5.3; :		Medium					
AT3G62360.1	Carbohydrate-binding-like fold	GEIAIETSTLSAGSFVAGPLYDDIPYATEASKPGYHIKR	4205.06704	0.030849	0.4699465	3	13	T(7): 17.9; S(8): 10.8; T(9): 10.8; S(11): 10.8; S(14): 10.8; Y(21): 10.8; Y(26): 7.5; T(28): 7.5; S(31): 7.5; Y(35): 5.5	Medium		Low	Low	Medium		
AT4G31120.2	SHK1 binding protein 1	DVHLGIEPTTATPNMFSW	2095.92093	0.031227	0.430492	31	1	T(9): 0.5; T(10): 0.5; T(12): 1.4; S(17): 97.6			Medium				
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	YVYYYLARILSDTGMTPGGGIPTPNWDALADIDAGGGVTR	4536.93128	0.032165	0.4216322	0	12	Y(1): 44.4; Y(3): 44.4; Y(4): 44.4; Y(5): 44.4; S(11): 44.4; T(13): 44.4; T(16): 44.4; T(23): 44.4; T(39): 44.4		Low	Low	Low			
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	WFNHIDALLRISGVSAEGSGVIVEGSSPITEEAVATPPAADSK	4698.10610	0.032584	0.4821121	4	7	S(12): 52.2; S(15): 52.2; S(19): 52.2; S(26): 52.2; S(27): 52.2; T(30): 52.2; T(36): 52.2; S(42): 34.4						Medium	
AT3G43790.1	zinc induced facilitator-like 2	KPIILIGTFSVIIFNTLFGLSTSFWLAISVR	3613.92251	0.03569	0.6484227	6	15	T(8): 15.1; S(10): 15.1; T(16): 32.2; S(21): 34.4; T(22): 34.4; S(23): 34.4; S(29): 34.4		Medium	Medium	Low	Low		
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	VAFKEVSGVLSITPAVSGNKK	2291.13735	0.038795	0.458903	12	1	S(7): 73.0; S(11): 73.0; T(13): 27.0; S(17): 27.0							Medium
AT5G16330.1	NC domain-containing protein-related	RGTCTIAPSDPCDEVISR	2193.86269	0.039343	0.684857	64	3	T(3): 5.3; T(5): 0.4; S(9): 94.3; S(17): 100.0		Medium					
AT3G46370.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	IISLNLSSSGLTGNIATGIQNLTKLQK	3024.48301	0.039744	0.5433117	2	1	S(3): 45.9; S(7): 45.9; S(8): 45.9; S(9): 45.9; T(12): 45.9; T(17): 35.2; T(23): 35.2						Medium	
AT4G26330.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	SPRDYLGHGTHTASTAVGSVVR	2348.10073	0.039941	0.6894318	26	4	S(1): 1.2; Y(5): 1.2; T(10): 81.9; T(12): 11.1; S(14): 1.2; T(15): 1.2; S(19): 2.3		Medium					
AT5G01410.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	EGTGVVAVYGNGAITEAK	1815.85782	0.039952	0.4639813	20	1	T(3): 2.9; Y(9): 89.2; T(15): 8.0				Medium			
AT5G43060.1	Granulin repeat cysteine protease family protein	LSPMILLLAMIGVSYAMDMSIISYDENHHITTETSR	4132.94419	0.041096	0.7033942	10	1	S(2): 0.5; S(14): 4.8; Y(15): 4.8; S(20): 4.8; S(23): 4.8; Y(24): 4.8; T(31): 18.9; T(32): 18.9; T(34): 18.9; S(35): 18.9		Medium					
AT5G23020.1	2-isopropylmalate synthase 2	STYEILSPEDVGIVKSENSGIVLGK	2714.33462	0.044068	0.5871146	3	4	S(1): 19.7; T(2): 19.7; Y(3): 19.7; S(7): 19.7; S(16): 10.6; S(19): 10.6						Medium	
AT3G61140.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	NFLELVPDVRELINDFYSSR	2506.19668	0.044275	0.4984616	9	1	Y(17): 65.0; S(18): 17.5; S(19): 17.5				Medium			
AT2G26620.1	Pectin lyase-like superfamily protein	DITSLNSKMGHFNFFFVHHFNITGVTITAPSDSPNTDGIK	4487.14524	0.044347	0.580566	6	9	T(3): 12.0; S(4): 12.0; S(7): 12.0; T(23): 18.8; T(26): 12.0; T(28): 12.0; S(31): 8.4; S(33): 6.5; T(36): 6.5	Medium						

Tabelle B3-a: List of Phosphoproteins linked to the associated phosphopeptides identified in this study

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
AT4G17520.1	Hyaluronan / mRNA binding family	36.39	1	6	9	106						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SGKMPTKPPPPSQAVR	24	1	1	AT4G17520.1		1677.90689	0	0.000896383			
	ASVNPFDLLDDDAEDPSQIVASKPLKVVAPVQTAK	11	1	1	AT4G17520.1	N-Term(Acetyl)	3719.92673	0	8.28869E-08			
	AFEAMQQLSSK	1	1	1	AT4G17520.1	M5(Oxidation)	1255.59661	0	4.22937E-06			
	AFEAMQQLSSK	20	1	1	AT4G17520.1		1239.60210	0	1.91794E-05			
	SGKMPTKPPPPSQAVR	6	1	1	AT4G17520.1	M4(Oxidation)	1693.89731	0	0.000208776			
	DGGAAAQAPTPAIGDSAQFPTLGK	4	1	1	AT4G17520.1		2241.11570	0	0.001191919			
	ASVNPFDLLDDDAEDPSQIVASKPLK	1	1	1	AT4G17520.1	N-Term(Acetyl)	2826.40537	0.000251	0.00576135			
	EMTLEEYEK	24	4	2	AT4G17520.1;AT5G47210.1		1171.51738	0.000769	0.02016347			
	NNDGPANENGYGGGYRR	4	1	1	AT4G17520.1		1810.77976	0.002246	0.07873798			
	NNDGPANENGYGGGYRR	6	1	1	AT4G17520.1	N9(Deamidated)	1811.78006	0.011649	0.2689326			
	MPTKPPPPSQAVREARNAPGGGR	4	1	1	AT4G17520.1		2371.22866	0.33263	1			
	ITEREEKTR	1	1	1	AT4G17520.1	T8(Phospho)	1241.58350	0.572587	1	16	0.9	T(2): 10.4; T(8): 89.6
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	12.35	2	2	2	7						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VDSSGDVCGATFKVDAETKR	3	1	1	AT5G43830.1	S3(Phospho); C8(Carbamidomethyl)	2221.97861	0	0.000664359	22	0.0	S(3): 2.4; S(4): 2.4; T(11): 92.8; T(18): 2.4
	GCFFTSSGGLR	4	2	1	AT5G43830.1	C2(Carbamidomethyl)	1188.54582	0	0.0031047			
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	45.69	2	9	13	146						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	EVVNGLELILDK	4	2	1	AT5G04430.1		1341.76030	0	0.006722952			
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	52	2	1	AT5G04430.1		2346.10146	0	4.49526E-16			
	LHSELHAEDGNEVEPR	20	2	1	AT5G04430.1		1831.85245	0	4.63684E-08			
	FLVSNAAAGSVIGKGGSTITEFQAK	16	2	1	AT5G04430.1		2453.29612	0	4.68113E-05			
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	15	2	1	AT5G04430.1	S2(Phospho)	2426.06728	0	1.82085E-09	20	0.8	S(2): 80.7; S(8): 8.4; S(9): 8.4; S(13): 1.8; T(18): 0.8
	ISPLDNTFYGLSDR	8	2	1	AT5G04430.1		1597.78362	0	1.08926E-05			
	IIMISGSIK	12	2	1	AT5G04430.1		961.57561	0	0.03819911			
	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	8	2	1	AT5G04430.1	S1(Phospho)	2269.96621	0	0.000124651	9	0.5	S(1): 50.7; S(7): 15.7; S(8): 15.7; S(12): 10.7; T(17): 7.3
	AIQQAETMIK	1	2	1	AT5G04430.1	M8(Oxidation)	1148.59514	0	0.001325274			
	EVVNGLELILDKLHSELHAEDGNEVEPR	4	2	1	AT5G04430.1		3154.60683	0.000077	0.002419081			
	SFIEESKAGIKISPLDNTFYGLSDR	1	2	1	AT5G04430.1	T18(Phospho)	2867.39843	0.545761	1	10	0.3	S(1): 8.1; S(6): 14.9; S(13): 14.9; T(18): 32.2; Y(20): 14.9; S(23): 14.9
	NQEFFPGTTDRIIMISGSIK	1	2	1	AT5G04430.1	T9(Phospho)	2334.12710	0.655157	1	3	0.3	T(8): 13.3; T(9): 28.9; S(16): 28.9; S(18): 28.9
	VSITGPQRAIQQAETMIKQK	3	2	1	AT5G04430.1	Q7(Deamidated); Q19(Deamidated)	2229.17966					
	GGSTITEFQAKSGAR	1	2	1	AT5G04430.1	Q9(Deamidated)	1510.74785					
AT4G31700.1	ribosomal protein S6	55.60	2	5	19	520						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ISQEVSGDALGEEFK	56	3	2	AT5G10360.1;AT4G31700.1		1608.77275	0	6.75778E-07			
	KGENDLPGLTDTEKPR	20	2	1	AT4G31700.1		1769.90110	0	2.32013E-08			
	GCIVSPDLSVLNLVIVK	52	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C2(Carbamidomethyl)	1826.04253	0	2.47931E-05			
	LVTPLTLQR	24	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1		1040.64580	0	0.01895039			
	KLEIDDDQKLR	28	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1		1372.73955	0	0.001075862			
	GENDLPGLTDTEKPR	24	2	1	AT4G31700.1		1641.80545	0	2.62927E-05			
	QGFPMKQGVLTPGR	20	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1		1515.80948	0	1.65566E-05			
	LSSAAAKPSVTA	24	2	1	AT4G31700.1		1102.60759	0	0.000223899			
	MKFNVANPTTGCQKK	48	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C12(Carbamidomethyl)	1723.85904	0	1.69629E-05			
	ISQEVSGDALGEEFKGYVFK	32	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1		2203.09183	0	9.39989E-05			
	MKFNVANPTTGCQKK	12	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	M1(Oxidation); C12(Carbamidomethyl)	1739.85495	0	5.20324E-05			
	IQRLVTPLTLQR	24	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1		1437.88922	0	2.89776E-05			
	GCIVSPDLSVLNLVIVKK	28	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C2(Carbamidomethyl)	1954.13724	0	0.001699004			
	KSVRGCIVSPDLSVLNLVIVK	20	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C6(Carbamidomethyl)	2296.34145	0	0.01213964			
	MKFNVANPTTGCQK	40	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C12(Carbamidomethyl)	1595.76555	0	3.76422E-06			
	SRLSSAAAKPSVTA	20	2	1	AT4G31700.1		1345.73906	0	0.001384146			
	SVRGCIVSPDLSVLNLVIVK	4	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C5(Carbamidomethyl)	2168.24192	0	4.97072E-16			
	SRLSSAAAKPSVTA	30	2	1	AT4G31700.1	S4(Phospho)	1425.70635	0.00019	0.04991904	88	0.9	S(1): 0.0; S(4): 92.2; S(5): 7.7; S(11): 0.1; T(13): 0.0
	MKFNVANPTTGCQK	2	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	M1(Oxidation); C12(Carbamidomethyl)	1611.75968	0.000653	0.02245741			
	AFYDKR	4	1	1	AT4G31700.1		799.40886	0.000952	0.03115552			
	LLLHRGTPCFR	4	4	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C9(Carbamidomethyl)	1369.75092	0.006359	0.1595552			
	FNVANPTTGCQK	4	3	2	AT4G31700.1;AT5G10360.1	C10(Carbamidomethyl)	1336.62834	0.021093	0.5830461			
AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unkn	11.40	1	2	2	7						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVK	5	1	1	AT4G01985.1	S54(Phospho)	4742.23501	0.000713	0.008496819	0	0.3	S(2): 24.5; S(14): 24.5; S(32): 24.5; S(54): 26.4
	GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVK	2	1	1	AT4G01985.1	S14(Phospho); S32(Phospho); S54(Phospho)	4475.88686	0.095808	1	0	0.2	S(2): 75.8; S(14): 70.8; S(32): 75.8; S(54): 77.6
AT5G04380.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases su	4.42	1	1	1	7						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DLVFEGLLSASKVYSFK	7	1	1	AT5G04380.1	S11(Phospho)	1982.97463	0.000892	0.07914957	10	0.1	S(9): 10.6; S(11): 10.6; Y(14): 10.6; S(15): 68.2
AT4G16830.1	Hyaluronan / mRNA binding family	34.65	3	7	8	192						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DVGEKPAVDDVAADANKEDTVVEEK	68	3	1	AT4G16830.1		2643.26072	0	8.68782E-10			
	KKALQSLTTSER	32	3	1	AT4G16830.1		1361.77300	0	0.000267894			
	SGQVSSLPAKSAPKLPSKPLPPAQAVR	20	1	1	AT4G16830.1		2711.55752	0	0.000819788			
	VFESMQQLSNKK	28	5	2	AT4G16830.1;AT5G47210.1		1438.73235	0	0.000502931			
	DDGNNGYSGGYTKPSGEGDVSK	28	2	1	AT4G16830.1		2203.93265	0	7.30449E-06			
	ATLNPFDLLDDDAEDPSQLAVAIEK	2	1	1	AT4G16830.1	N-Term(Acetyl)	2742.32846	0	2.75594E-05			
	DVGEKPAVDDVAADANK	4	3	1	AT4G16830.1		1713.82390	0	0.000294588			
	ATLNPFDLLDDDAEDPSQLAVAIEK	1	1	1	AT4G16830.1	T2(Phospho)	2780.27872	0.001	0.01514467	24	1.0	T(2): 99.1; S(17): 0.9
	VFESMQQLSNKK	5	5	2	AT4G16830.1;AT5G47210.1	M5(Oxidation)	1454.72576	0.001025	0.03698005			
	SAPKLPSKPLPPAQAVR	4	1	1	AT4G16830.1		1757.04360	0.00177	0.05233411			
AT5G25460.1	Protein of unknown function, DUF642	11.92	1	1	1	8						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NILKNGGFEEGPLVLPGSTTGVLIPPFIEDDHSPLPGWMVESLK	8	1	1	AT5G25460.1	T19(Phospho); T20(Phospho); S33(Phospho)	4940.33139	0.001065	0.04738305	0	0.1	S(18): 60.0; T(19): 60.0; T(20): 60.0; S(33): 60.0; S(42): 60.0
AT2G45820.1	Remorin family protein	29.47	1	4	4	62						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VDVESPAVLAPAKEPTPAPVEVADEK	20	1	1	AT2G45820.1		2658.38578	0	6.3442E-08			
	ALAVVEKPIEEHTPK	24	1	1	AT2G45820.1		1660.92368	0	0.003442025			
	VAAIHKLAEEKR	12	1	1	AT2G45820.1		1364.79773	0.00008	0.003095473			
	TSKVDVESPAVLAPAKEPTPAPVEVADEK	4	1	1	AT2G45820.1		2974.55288	0.000426	0.007070642			
	ALAVVEKPIEEHTPK	2	1	1	AT2G45820.1	T13(Phospho)	1740.89334	0.001632	0.06285006	48	1.0	T(13): 100.0
AT2G24270.2	aldehyde dehydrogenase 11A3	83.67	2	28	28	722						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VQACTQEEVNAVMELAK	20	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl)	1919.91838	0	6.80984E-09			
	DSGIGSQGVTNSINLMTK	24	2	1	AT2G24270.2		1821.89885	0	5.94481E-08			
	DSGIGSQGVTNSINLMTK	8	2	1	AT2G24270.2	M16(Oxidation)	1837.89690	0	3.93212E-09			
	EIAKPAKDSVTEVVR	48	2	1	AT2G24270.2		1641.91216	0	9.28366E-06			

	INSVEEGINHCNASNFGLQGCVFTK	32	2	1	AT2G24270.2	C11(Carbamidomethyl); C21(Carbamidomethyl)	2795.28806	0	9.3889E-10				
	SGDLISYCAEEGVR	24	2	1	AT2G24270.2	C8(Carbamidomethyl)	1555.70342	0	7.26297E-06				
	FLLSDSFPGNDR	8	2	1	AT2G24270.2		1367.65654	0	0.00385677				
	VKTTVINLPTPSYSMG	9	1	1	AT2G24270.2	M15(Oxidation)	1723.89226	0	5.07291E-06				
	IPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	136	2	1	AT2G24270.2		2321.36040	0	2.23041E-05				
	VAKLTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	24	2	1	AT2G24270.2		3617.81211	0	5.67819E-06				
	YCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	52	2	1	AT2G24270.2	C2(Carbamidomethyl)	3073.70945	0	0.000558768				
	EKGATFCQEYKR	24	2	1	AT2G24270.2	C7(Carbamidomethyl)	1516.71668	0	8.57674E-06				
	CTAVKVVLVMESVADELVEK	24	2	1	AT2G24270.2	C1(Carbamidomethyl)	2219.16538	0	8.27156E-05				
	AAAILKDNKAPMAESLVK	24	2	1	AT2G24270.2		1870.04331	0	0.000292048				
	TKYCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	36	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl)	3302.86098	0	0.000513918				
	GPDHFPFQGLK	20	2	1	AT2G24270.2		1242.62748	0	0.005107223				
	IAPALIAGNSLVLKPPTQGAVSCLHMVHCFHLAGFPK	24	2	1	AT2G24270.2	C23(Carbamidomethyl); C29(Carbamidomethyl)	3952.08117	0	0.000830484				
	AGTGLFAEILDGEVYK	12	2	1	AT2G24270.2	N-Term(Acetyl)	1724.86968	0	2.52332E-10				
	GSEIGDFLTMHPAVNCISFTGGDTGISISK	4	2	1	AT2G24270.2	N15(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	3112.47251	0	2.55154E-08				
	DACIVLDDADLDLVASNIIK	1	2	1	AT2G24270.2	C3(Carbamidomethyl); N17(Deamidated)	2174.09575	0	3.18709E-06				
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	9	2	1	AT2G24270.2	N9(Deamidated)	3320.62534	0	7.99386E-05				
	DACIVLDDADLDLVASNIIK	32	2	1	AT2G24270.2	C3(Carbamidomethyl)	2173.11284	0	0.000382084				
	IAWEEPFGPVVPVLR	12	2	1	AT2G24270.2		1708.94267	0	0.002109421				
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	28	2	1	AT2G24270.2		3319.61789	0	9.53045E-07				
	VVLVMESVADELVEK	8	2	1	AT2G24270.2		1659.88884	0	1.4131E-05				
	GSEIGDFLTMHPAVNCISFTGGDTGISISKK	8	2	1	AT2G24270.2	C16(Carbamidomethyl)	3239.57444	0	0.001234556				
	GSEIGDFLTMHPAVNCISFTGGDTGISISK	16	2	1	AT2G24270.2	C16(Carbamidomethyl)	3111.46506	0	8.5621E-10				
	AGMIPLQMELGGK	8	2	1	AT2G24270.2		1344.70098	0	0.0322789				
	AGTGLFAEILDGEVYKYYADGEWK	3	2	1	AT2G24270.2	N-Term(Acetyl)	2737.29489	0	3.136E-06				
	VAKLTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	6	2	1	AT2G24270.2	N12(Deamidated)	3618.82798	0	9.39611E-06				
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	2	2	1	AT2G24270.2	N9(Deamidated); N22(Deamidated)	3321.61448	0	0.000481468				
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMDAK	2	2	1	AT2G24270.2	M29(Oxidation)	3335.61985	0	0.000168512				
	AILSDAMETGTVQINSAPARGPDHFPFQGLK	3	2	1	AT2G24270.2	Q29(Deamidated)	3382.72768	0	6.3102E-05				
	VQACTQEEVNAVMELAK	3	2	1	AT2G24270.2	Q2(Deamidated); C4(Carbamidomethyl)	1920.91570	0	1.13275E-07				
	AILSDAMETGTVQINSAPARGPDHFPFQGLK	3	2	1	AT2G24270.2	M8(Oxidation)	3397.72011	0.000076	0.001867643				
	GSEIGDFLTMHPAVNCISFTGGDTGISISKK	1	2	1	AT2G24270.2	N15(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	3240.57461	0.000096	0.002232469				
	AGTGLFAEILDGEVYK	4	2	1	AT2G24270.2	T3(Phospho)	1762.81876	0.001248	0.03204952	56	1.0	T(3): 100.0; Y(15): 0.0	
	AAAILKDNKAPMAESLVK	1	2	1	AT2G24270.2	M12(Oxidation)	1886.04013	0.002537	0.08252998				
	TTVINLPTPSYSMG	4	1	1	AT2G24270.2		1480.73149	0.002561	0.06323312				
	YCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	2	2	1	AT2G24270.2	C2(Carbamidomethyl); N19(Deamidated)	3074.71762	0.002663	0.06320091				
	IPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	2	2	1	AT2G24270.2	N13(Deamidated)	2322.36113	0.00612	0.1778228				
	SVAIMNPATRK	7	2	1	AT2G24270.2	M5(Oxidation)	1203.65520	0.007923	0.2297638				
	IAPALIAGNSLVLKPPTQGAVSCLHMVHCFHLAGFPK	2	2	1	AT2G24270.2	Q18(Deamidated); C23(Carbamidomethyl); C29(Carbamidomethyl)	3953.09557	0.011079	0.2796529				
	TKYCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	2	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl); N21(Deamidated)	3303.86172	0.026573	0.5554182				
AT1G32200.1	phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	66.88	1	15		17	337						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SVNEQYEILNSAIK	24	1	1	AT1G32200.1		1607.82781	0	9.608E-08				
	LVGFHGTGLSIAPEINFSDVTADCESPNEAK	36	1	1	AT1G32200.1	C24(Carbamidomethyl)	3275.54441	0	4.04753E-05				
	ADETVVSNMSVAFDR	3	1	1	AT1G32200.1	M9(Oxidation)	1656.74883	0	1.93412E-07				
	ESSVAASIAFNEAAGETPSELSHSR	24	1	1	AT1G32200.1		2547.19352	0	2.63625E-08				
	NSYVGNASIFSELEDK	28	1	1	AT1G32200.1		1772.83464	0	4.84607E-06				
	RLVGFHGTGLSIAPEINFSDVTADCESPNEAK	36	1	1	AT1G32200.1	C25(Carbamidomethyl)	3431.64907	0	8.28965E-06				
	QGHNIVLSNHQSEADPAVISLLEAQSPFIGENIK	32	1	1	AT1G32200.1		3882.04091	0	0.000104525				
	VITDPLCKPFSMGR	20	1	1	AT1G32200.1	C7(Carbamidomethyl)	1620.82358	0	0.000283578				
	MLLGVEDPYTFNPYHKAVR	28	1	1	AT1G32200.1		2250.13637	0	0.000539442				
	RLVGFHGTGLSIAPEINFSDVTADCESPNEAK	5	1	1	AT1G32200.1	N17(Deamidated); C25(Carbamidomethyl)	3432.65200	0	5.23407E-07				
	MLLGVEDPYTFNPYHK	24	1	1	AT1G32200.1		1923.93070	0	0.000177356				
	ADETVVSNMSVAFDR	16	1	1	AT1G32200.1		1640.75908	0	0.000291346				
	KHMNDDPELVDMK	12	1	1	AT1G32200.1		1571.71653	0	0.000325032				
	SVNEQYEILNSAIKHRR	12	1	1	AT1G32200.1		2057.08657	0	0.009922669				
	QGHNIVLSNHQSEADPAVISLLEAQSPFIGENIK	6	1	1	AT1G32200.1	Q1(Deamidated)	3883.03701	0.000096	0.002457586				
	LVEHSGAPGHIYPMSLLCYDIMPPPPQVEK	4	1	1	AT1G32200.1	C18(Carbamidomethyl)	3375.65078	0.000992	0.02596294				
	MTLTFSSSAATVAVAAATVTSSARVPVYPLASSTLRGLVSFR	19	1	1	AT1G32200.1	T4(Phospho)	4324.24282	0.00167	0.1325656	4	0.1	T(2): 7.7; T(4): 7.7; S(6): 7.7; S(7): 7.7; S(8): 7.7; T(11): 7.7; T(18): 7.7; T(20): 7.7; S(21): 7.7; S(22): 7.7; Y(28): 7.7; S(32): 3.9; S(33)	
	LVEHSGAPGHIYPMSLLCYDIMPPPPQVEK	1	1	1	AT1G32200.1	C18(Carbamidomethyl); Q27(Deamidated)	3376.65175	0.005511	0.1149091				
	EAEAGRLPANVAAGMEELYWNYK	2	1	1	AT1G32200.1	N10(Deamidated)	2583.22940	0.013342	0.3023055				
	MTLTFSSSAATVAVAAATVTSSARVPVYPLASSTLR	1	1	1	AT1G32200.1	S7(Phospho); S8(Phospho); T11(Phospho); T18(Phospho)	3904.78040	0.386477	1			Too many isoforms	
	DRPNPSTGEWFPAPFDASVDNMRR	4	1	1	AT1G32200.1	T7(Phospho); S19(Phospho)	3009.25428	0.488649	1	3	0.2	S(6): 50.0, T(7): 50.0; S(18): 50.0; S(19): 50.0	
AT2G24940.1	membrane-associated progesterone binding protein 2	70.00	1	6		6	105						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	NEEDVSPSLEGLTEK	32	1	1	AT2G24940.1		1646.77385	0	6.5204E-08				
	SFYGSGGDYSMFAGK	7	1	1	AT2G24940.1	M11(Oxidation)	1589.65691	0	2.67322E-06				
	MSKNEEDVSPSLEGLTEK	32	1	1	AT2G24940.1		1992.93912	0	8.05087E-07				
	MEFTAEQLSQYNGTDESKPIYVAIKGR	10	1	1	AT2G24940.1	N-Term(Acetyl)	3117.51633	0	5.90525E-08				
	MEFTAEQLSQYNGTDESKPIYVAIK	10	1	1	AT2G24940.1	N-Term(Acetyl)	2904.39658	0	1.94323E-09				
	FEAKYPVVGR	8	1	1	AT2G24940.1		1165.63457	0	0.000368083				
	MEFTAEQLSQYNGTDESKPIYVAIK	6	1	1	AT2G24940.1	T4(Phospho)	2942.35965	0.002158	0.08406487	3	0.2	T(4): 18.1; S(9): 18.1; Y(11): 18.1; T(14): 18.1; S(17): 18.1; Y(21): 9.7	
AT2G04842.1	threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligas	4.00	1	2		2	58						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	FGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	24	1	1	AT2G04842.1		2584.39560	0	2.35701E-07				
	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	28	1	1	AT2G04842.1		2827.53090	0	2.97779E-08				
	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	2	1	1	AT2G04842.1	N17(Deamidated)	2828.52602	0.000187	0.003408801				
	FGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	4	1	1	AT2G04842.1	T7(Phospho)	2664.37571	0.002166	0.1089434	13	0.9	T(7): 94.4; T(23): 5.6	
AT5G58140.4	phototropin 2	14.37	3	4		4	43						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ALDSITEVVQTIR	20	3	1	AT5G58140.4		1444.79936	0	3.33097E-05				
	APPSPLNDAESLSER	12	3	1	AT5G58140.4		1582.76702	0	0.002488155				
	SQVQESVSNDTMVKPDSSTTPTPGRQTR	8	3	1	AT5G58140.4		3033.44741	0	0.004954293				
	KIQASGETVGLHHFKPIKPLGSGDTGSVHLVELKGTGELYAMK	3	3	1	AT5G58140.4	T25(Phospho)	4610.37875	0.002651	0.0438936	0	0.1	S(5): 13.6; T(8): 13.6; S(22): 13.6; T(25): 13.6; S(27): 13.6; T(36): 14.9; Y(40): 17.1	
AT1G14370.1	protein kinase 2A	5.87	1	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VDNSNHSPHANSASSGSKVSSKTSR	3	1	1	AT1G14370.1	S24(Phospho)	2621.17472	0.034663	0.565868	35	0.7	S(4): 0.0; S(7): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 0.1; S(15): 0.3; S(17): 0.6; S(20): 1.8; S(21): 5.4; T(23): 18.9; S(24): 72.8	
AT4G18810.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	26.32	2	7		9	107						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DSGIPFAIVRPCALTEEPAGADLIFEQGDNITGK	28	2	1	AT4G18810.2	C12(Carbamidomethyl)	3601.77573	0	2.75679E-09				
	ELDFILTYK	4	2	1	AT4G18810.2		1141.61272	0	0.009633696				
	KVINAVSVIVGPK	24	2	1	AT4G18810.2		1323.83567	0	2.83048E-05				
	LTNGATEEPVAEMGTSGIILVAGATGGVGRR	1	2	1	AT4G18810.2	N3(Deamidated)	2985.53812	0	0.000565999				
	LTNGATEEPVAEMGTSGIILVAGATGGVGRR	36	2	1	AT4G18810.2		2984.53708	0	0.000222134				
	ICIAALESPYALNK	8	2	1	AT4G18810.2	C2(Carbamidomethyl)	1562.82500	0	4.55995E-05				

	STVPFSEPFTVDPENPPPEK	1	2	1	AT4G18810.2	N15(Deamidated)	2215.05449	0.001118	0.02219408			
	GIVSTTNNGGFTSVRTKNFPEAENVSAYDGLELR	2	2	1	AT4G18810.2	S13(Phospho)	3723.76845	0.003062	0.1780093	0	0.1	S(4): 11.2; T(5): 11.2; T(6): 11.2; T(12): 12.3; S(13): 12.3; T(16): 12.3; S(26): 13.6; Y(28): 15.9
	LTNGATEEPVAEMGTSGIILVAGATGGVGR	1	2	1	AT4G18810.2	M13(Oxidation)	2844.45774	0.099255	0.9743993			
	LTNGATEEPVAEMGTSGIILVAGATGGVGRR	1	2	1	AT4G18810.2	T2(Phospho); T15(Phospho); S16(Phospho); T25(Phospho)	3304.39890	0.115876	0.7732371	0	0.2	T(2): 80.8; T(6): 80.8; T(15): 80.8; S(16): 80.8; T(25): 76.6
	EALEQSTVAK	1	1	1	AT4G18810.2	Q5(Deamidated)	1076.53948					
AT5G14740.2	carbonic anhydrase 2	77.99	5	20		33	1356					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	KITAELQAASSSDSK	56	5	1	AT5G14740.2		1535.78740	0	7.31171E-09			
	VLAESESSAFEDQCGR	40	5	1	AT5G14740.2	C14(Carbamidomethyl)	1784.77324	0	4.57544E-08			
	ITAELQAASSSDSK	76	5	1	AT5G14740.2		1407.69341	0	4.35823E-10			
	VKKITAELQAASSSDSK	92	5	1	AT5G14740.2		1762.95244	0	6.45645E-05			
	EAVNVSLANLLTYPEVR	104	5	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1906.04216	0	8.41281E-09			
	YETNPALYGELAKGQSPK	60	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1965.98772	0	4.72976E-07			
	EKYETNPALYGELAKGQSPK	60	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		2223.12895	0	3.13968E-08			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVK	36	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		2385.10185	0	2.20536E-08			
	EKYETNPALYGELAK	60	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1725.86821	0	1.39465E-06			
	GNESYEDAIEALK	24	1	1	AT5G14740.2		1438.66814	0	2.676E-06			
	YETNPALYGELAK	48	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1468.73113	0	1.13465E-06			
	LLIEKDDLKDVAAAK	44	5	1	AT5G14740.2		1641.93987	0	0.001054222			
	GNESYEDAIEALKK	56	1	1	AT5G14740.2		1566.76152	0	5.82736E-05			
	KITAELQAASSSDSKSFDPVER	60	5	1	AT5G14740.2		2366.18113	0	1.11477E-09			
	DDLKDVAAAK	24	5	1	AT5G14740.2		1045.55095	0	0.006341696			
	VENIVVIGHSACGGIK	48	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	C12(Carbamidomethyl)	1652.87602	0	0.001266667			
	ITAELQAASSSDSKSFDPVER	32	5	1	AT5G14740.2		2238.09673	0	6.3069E-06			
	NIANMVPPFDK	7	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	M5(Oxidation)	1261.62212	0	0.000337762			
	EGFVTFKK	24	5	1	AT5G14740.2		955.52458	0	0.001290718			
	NIANMVPPFDK	24	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1245.62590	0	0.001493499			
	NIANMVPPFDKVK	40	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1472.79380	0	0.002922632			
	YMVFACSDSR	6	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	M2(Oxidation); C6(Carbamidomethyl)	1251.51140	0	0.000466873			
	IKEGFVTFKK	16	5	1	AT5G14740.2		1196.70256	0	0.001782228			
	LLIEKDDLK	20	5	1	AT5G14740.2		1086.64031	0	0.03634865			
	YMVFACSDSR	40	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	C6(Carbamidomethyl)	1235.51702	0	0.000322408			
	KEKYETNPALYGELAK	20	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1		1853.96408	0	5.4984E-05			
	DDLKDVAAAKVK	24	5	1	AT5G14740.2		1272.71454	0	6.35126E-06			
	SKVLAESESSAFEDQCGR	32	5	1	AT5G14740.2	C16(Carbamidomethyl)	1999.89841	0	1.41723E-06			
	VCPSHVLDFHPGDAFVVR	48	5	1	AT5G14740.2	C2(Carbamidomethyl)	2052.00840	0	4.24487E-06			
	GNESYEDAIEALKKLLIEK	32	1	1	AT5G14740.2		2163.15177	0	0.000576142			
	KLLIEKDDLK	24	5	1	AT5G14740.2		1214.73822	0	0.0244244			
	GNESYEDAIEALKK	7	1	1	AT5G14740.2	N-Term(Acetyl)	1608.77361	0	2.66895E-05			
	GNESYEDAIEALKKLLIEK	7	1	1	AT5G14740.2	N-Term(Acetyl)	2205.16495	0	0.00039008			
	VKKITAELQAASSSDSK	3	5	1	AT5G14740.2	Q9(Deamidated)	1763.93735	0	1.86998E-05			
	EKYETNPALYGELAKGQSPK	6	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	Q17(Deamidated)	2224.10611	0	0.00106948			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVKICLPAK	4	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	C23(Carbamidomethyl)	3067.47562	0	0.000553332			
	KITAELQAASSSDSKSFDPVER	2	5	1	AT5G14740.2	Q7(Deamidated)	2367.17960	0	2.55484E-08			
	ITAELQAASSSDSKSFDPVER	1	5	1	AT5G14740.2	Q6(Deamidated)	2239.08634	0	2.09983E-05			
	YETNPALYGELAKGQSPK	2	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	Q15(Deamidated)	1966.98099	0	3.92528E-05			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVK	2	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	N11(Deamidated)	2386.10210	0	0.000861359			
	GQSPKYMVFACSDSR	1	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	M7(Oxidation); C11(Carbamidomethyl)	1748.77201	0.000146	0.004328905			
	SFDPVER	24	5	1	AT5G14740.2		849.41014	0.000513	0.01248062			
	SKVLAESESSAFEDQCGR	1	5	1	AT5G14740.2	Q15(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	2000.89579	0.002201	0.07215464			
	GNESYEDAIEALKK	2	1	1	AT5G14740.2	Y5(Phospho)	1646.72147	0.003091	0.1605056	28	0.8	S(4): 20.8; Y(5): 79.2
	EGFVTFK	16	5	1	AT5G14740.2		827.42931	0.007923	0.2299742			
	YETNPALYGELAKGQSPK	1	8	2	AT5G14740.2;AT3G01500.1	N4(Deamidated); Q15(Deamidated)	1967.97086					
AT1G17480.1	IQ-domain 7	9.16	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GSYAASSLGSELPSFSADEAFTTAMAALIRAPPR	2	1	1	AT1G17480.1	T23(Phospho)	3522.65821	0.007179	0.2390785	5	0.2	S(2): 10.3; Y(3): 10.3; S(6): 10.3; S(7): 10.3; S(10): 10.3; S(14): 10.3; S(16): 10.3; T(22): 10.3; T(23): 17.3
AT1G51310.1	transferases;tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-	7.04	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	HAFIVDQYLSCSMPEKPLRVAVLLSGGVDSSVALR	2	1	1	AT1G51310.1	C11(Carbamidomethyl); S25(Phospho)	3894.95864	0.009368	0.2862905	4	0.2	Y(8): 6.7; S(10): 6.7; S(12): 6.7; S(25): 19.0; S(30): 19.0; S(31): 41.8
AT3G23490.1	cyanase	39.29	1	6		7	188					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TFSQLAAETGLTNVYVAQLLR	64	1	1	AT3G23490.1		2295.22954	0	9.21218E-10			
	KQSVTNQLLAVK	24	1	1	AT3G23490.1		1328.78813	0	0.000307148			
	SASGKTFSQLAAETGLTNVYVAQLLRR	20	1	1	AT3G23490.1		2881.54483	0	3.87721E-07			
	TFSQLAAETGLTNVYVAQLLRR	16	1	1	AT3G23490.1		2451.32956	0	0.004337061			
	SYDPNLIQEPTIYR	16	1	1	AT3G23490.1		1708.85002	0	0.000104635			
	SASGKTFSQLAAETGLTNVYVAQLLRR	3	1	1	AT3G23490.1	Q9(Deamidated)	2882.54807	0	5.45851E-06			
	TFSQLAAETGLTNVYVAQLLRR	7	1	1	AT3G23490.1	Q18(Deamidated)	2452.33573	0	0.00109058			
	LNEAVMHFGESIK	20	1	1	AT3G23490.1		1474.73210	0.000236	0.004263048			
	QSVTNQLLAVK	16	1	1	AT3G23490.1		1200.69316	0.000442	0.0104284			
	TFSQLAAETGLTNVYVAQLLR	2	1	1	AT3G23490.1	S3(Phospho); Y15(Phospho)	2455.16225	0.009966	0.2917009	7	0.1	T(1): 26.7; S(3): 26.7; T(9): 51.9; T(12): 63.6; Y(15): 31.2
AT1G51130.1	Nse4, component of Smc5/6 DNA repair complex	9.43	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SQSAHGVSPAEFVNALISGFGQGGSLGIDTDETAQVSLK	2	1	1	AT1G51130.1	S1(Phospho); S36(Phospho)	3977.81577	0.010616	0.2966652	5	0.1	S(1): 25.3; S(3): 25.3; S(8): 25.3; S(18): 20.5; S(24): 20.5; T(29): 20.5; T(32): 24.2; S(36): 38.4
AT3G28360.1	P-glycoprotein 16	4.23	1	1		2	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TTGRAIAEAGTMTTDLAK	1	1	1	AT3G28360.1	T1(Phospho); T2(Phospho)	1967.85862	0.011841	0.3603902	20	0.3	T(1): 58.8; T(2): 58.8; T(11): 34.1; T(13): 34.1; T(14): 14.1
	IYVLLFFGLALFTFFTSISQQYSFSYMGEYLTKR	1	1	1	AT3G28360.1	Y2(Phospho); T13(Phospho); T16(Phospho); Y22(Phospho); Y26(Phospho)	4480.89246	0.58559	1			Too many isoforms
AT4G01510.1	Arv1-like protein	16.67	1	1		1	1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TNDGSNVSMSFLFESLEVLVNVLSANFAFVFSFAFAAK	1	1	1	AT4G01510.1	T1(Phospho); S5(Phospho); S32(Phospho)	4359.94008	0.012785	0.357662	7	0.1	T(1): 51.8; S(5): 42.9; S(8): 37.1; S(10): 37.1; S(15): 37.4; S(24): 40.0; S(32): 53.6
AT5G35570.1	O-fucosyltransferase family protein	3.22	1	1		1	3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	KEVLPLLKQHIVMYLTHTDSR	3	1	1	AT5G35570.1	T16(Phospho)	2601.35756	0.032806	0.4924635	3	0.3	Y(14): 25.0; T(16): 25.0; T(18): 25.0; S(20): 25.0
AT1G14010.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	8.96	1	1		1	11					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SSIVLLILSILSPVTLSIR	11	1	1	AT1G14010.1	S9(Phospho); S12(Phospho)	2184.20708	0.016281	0.3789499	58	0.7	S(1): 15.3; S(2): 15.3; S(9): 84.3; S(12): 84.6; T(15): 0.5; S(17): 0.0
AT3G12580.1	heat shock protein 70	26.77	2	2		14	217					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VEIIANDQGNRTTPSYVAFTDSER	24	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1		2683.29068	0	1.70901E-09			
	VQQLLQDFFNGK	24	5	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1		1436.75139	0	2.12499E-05			
	NALENYAYNMR	24	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1		1358.61382	0	4.88446E-05			
	GEGPAIGIDLGTTYSCVGVWQHDR	12	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	C16(Carbamidomethyl)	2588.20566	0	1.21777E-05			
	VEIIANDQGNR	20	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1		1228.62615	0	1.09176E-05			
	NALENYAYNMR	6	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	M10(Oxidation)	1374.60918	0	0.001175929			

	IINEPTAAAIAYGLDKK	28	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3G0			1787.98551	0	9.93621E-06				
	MVNHFVQEFK	32	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1278.62894	0	1.19484E-05				
	IINEPTAAAIAYGLDK	4	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3G0			1659.89556	0	4.79382E-05				
	NKITITNDKGR	12	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1259.70581	0	0.000201231				
	TTPSYVAFTDSER	12	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1473.68376	0	0.001509742				
	ELESLCNPIIAR	4	1	1	AT3G12580.1	C6(Carbamidomethyl)		1414.73284	0	0.002890056				
	GEGPAIGIDLGTTYSCVGVWQHDR	1	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	C16(Carbamidomethyl); Q21(Deamidated)		2589.21054	0.000161	0.01162122				
	NAVVTVPAYFNDSQR	12	7	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1680.83293	0.000461	0.02282205				
	VQDLLLLDVTPLSLGLETAGGVMTVLIPRNTTIPTK	1	1	1	AT3G12580.1	T10(Phospho); S13(Phospho); T35(Phospho)		4029.05703	0.017353	0.372216	0	0.0	T(10): 44.4; S(13): 44.4; T(18): 42.2; T(24): 42.2; T(31): 42.2; T(32): 42.2; T(35): 42.2	
	MVNHFVQEFKRK	1	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	N3(Deamidated); Q7(Deamidated)		1564.80229						
AT5G17990.1	tryptophan biosynthesis 1	19.37	1	2		3		37						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SSSSACGSADVLEALGVVLDLGPEGIKR	32	1	1	AT5G17990.1	C6(Carbamidomethyl)		2787.41654	0	0.003007614				
	LSGILTSFNAVDDASSSCGRSNLTGVRIFPTLSR	1	1	1	AT5G17990.1	C18(Carbamidomethyl); S21(Phospho); T24(Phospho); T31(Phospho)		3838.70435	0.017959	0.3771739	5	0.0	S(2): 24.9; T(6): 25.9; S(7): 27.2; S(15): 31.7; S(16): 31.7; S(17): 31.7; S(21): 32.0; T(24): 32.0; T(31): 33.8; S(33): 29.3	
	EVQSSGKAIKTLDSWINISNLAQK	4	1	1	AT5G17990.1			2630.39638						
AT2G20750.1	expansin B1	10.70	1	1		1		9						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GPFSVKLTTLSNNKTLSATDVIPSNWVPK	9	1	1	AT2G20750.1	S11(Phospho); T15(Phospho)		3274.62563	0.022237	0.4838163	12	0.1	S(4): 6.1; T(8): 18.6; T(9): 18.6; S(11): 38.7; T(15): 25.7; S(17): 50.4; T(19): 27.3; S(24): 14.7	
AT2G40840.1	disproportionating enzyme 2	14.35	1	7		9		99						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	YRVHVTLDSLLK	24	1	1	AT2G40840.1			1443.82944	0	0.000659326				
	EEYTTRPATEETINDPTNPK	32	1	1	AT2G40840.1			2306.07456	0	0.007117604				
	EVIGVDGIPPSQCIPEITHFILR	8	1	1	AT2G40840.1	C13(Carbamidomethyl)		2590.36759	0	0.002111166				
	FNIEDTSSFQDLDDHSK	4	1	1	AT2G40840.1			1997.86759	0	0.00078010 8				
	DVFDILR	8	1	1	AT2G40840.1			877.47704	0.000546	0.01696201				
	GEVIANGSTKPNP	8	1	1	AT2G40840.1			1283.65080	0.001593	0.06132744				
	VEKPLGVFMNKSDQDDSVVVQFK	1	1	1	AT2G40840.1	S17(Phospho)		2689.27768	0.021343	0.6031149	33	1.0	S(12): 0.4; S(17): 99.6	
	SVPANVSGEDINK	8	1	1	AT2G40840.1			1329.67217	0.025328	0.6034123				
	SLLLENEDK	6	1	1	AT2G40840.1	N6(Deamidated)		1061.53862						
AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, puta	5.01	1	1		2		22						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ALNLVLER	20	1	1	AT2G38280.1			927.56261	0.016085	0.4570175				
	SNGHVYVDEIPPGLPRLHTPSEGRASVHGASSIR	2	1	1	AT2G38280.1	Y6(Phospho); S26(Phospho); S31(Phospho)		3832.73672	0.022388	0.6381906	32	0.2	S(1): 33.1; Y(6): 33.1; T(19): 33.1; S(21): 4.1; S(26): 95.3; S(31): 50.7; S(32): 50.7	
AT5G23890.1	LOCATED IN: mitochondrion, chloroplast thylakoid membra	3.28	1	1		1		1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KKSLIEGVVGAGVAGIILFGLSYAAASFSK	1	1	1	AT5G23890.1	S28(Phospho); S30(Phospho)		3226.69326	0.0239	0.4646864	6	0.2	S(3): 24.9; S(23): 36.3; Y(24): 36.3; S(28): 51.2; S(30): 51.2	
AT1G14610.1	valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VALRS)	10.47	1	3		7		39						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ILQEFDFFEK	12	1	1	AT1G14610.1			1315.65227	0	0.00085136				
	ILTEEELER	20	1	1	AT1G14610.1			1131.58830	0.000155	0.004882181				
	TAISDVEVEYIDIKEKTLLK	3	1	1	AT1G14610.1	Y10(Phospho); T17(Phospho)		2467.19765	0.02417	0.5055462	10	0.5	T(1): 30.4; S(4): 30.4; Y(10): 62.4; T(17): 76.9	
	RMSGYNALWVPGVDHAGIATQVVVEK	1	1	1	AT1G14610.1	T20(Phospho)		2877.43178	0.101214	0.9129472	19	0.9	S(3): 2.4; Y(5): 7.1; T(20): 90.5	
	EVWKWKNQYGGTILTQLR	1	1	1	AT1G14610.1	N7(Deamidated); Q8(Deamidated)		2222.15078	0.289705	1				
	SFHGSRTMSESEK	1	1	1	AT1G14610.1	M8(Oxidation)		1498.65532						
	LEEGNLDPKEVIVAKEGQVK	1	1	1	AT1G14610.1	N5(Deamidated)		2196.17934						
AT4G04180.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases super	7.06	1	1		2		16						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ITLKFQVPSTCEVAQLISNIGSQLGVK	1	1	1	AT4G04180.1	Q6(Deamidated); C11(Carbamidomethyl); Q15(Deamidated); N19(Deamidated); Q23(Deamidated)		2934.55313	0.015339	0.3691583				
	VLSVLLRQIDGFEQEK	1	1	1	AT4G04180.1	S3(Phospho)		1953.99599	0.227259	1	13	1.0	S(3): 100.0	
	ITLKFQVPSTCEVAQLISNIGSQLGVK	14	1	1	AT4G04180.1	Q6(Deamidated); C11(Carbamidomethyl); Q15(Deamidated); N19(Deamidated)		2933.57004						
AT3G62100.1	indole-3-acetic acid inducible 30	15.12	1	1		1		10						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GRSSSSSSIESSCKSNPGVSSSNTR	10	1	1	AT3G62100.1	S11(Phospho); C13(Carbamidomethyl)		2772.19155	0.026131	0.5258988	7	0.1	S(3): 10.8; S(4): 10.8; S(5): 10.8; S(6): 10.8; S(7): 10.8; S(8): 10.8; S(11): 10.8; S(12): 10.8; S(15): 3.7; S(21): 3.7; S(22): 2.1; S(23): 2	
AT3G54280.1	DNA binding;ATP binding;nucleic acid binding;binding;helic	0.59	2	1		1		2						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GTLEEKVMSLQK	2	2	1	AT3G54280.1	S9(Phospho)		1442.69853	0.031178	0.4730314	79	1.0	T(2): 0.0; S(9): 100.0	
AT4G38740.1	rotamase CYP 1	93.60	1	9		15		562						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	15	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M10(Oxidation); C25(Carbamidomethyl)		2937.42551	0	1.96345E-14				
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	32	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	C25(Carbamidomethyl)		2921.44590	0	7.10243E-11				
	HVVFGQVVEGLDVVK	52	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			1624.90508	0	2.88015E-08				
	FHRVIPNFMCQGGDFTAGNGTGGESIYGSK	48	1	1	AT4G38740.1	C10(Carbamidomethyl)		3204.45627	0	2.64639E-10				
	IVMELYTDKTPR	11	1	1	AT4G38740.1	M3(Oxidation)		1481.76274	0	9.83598E-07				
	IVMELYTDKTPR	44	1	1	AT4G38740.1			1465.76982	0	0.000155606				
	TDWLDGKHVVFGQVVEGLDVVK	68	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			2440.28904	0	0.000177465				
	ALCTGEKGVGGTGKPLHFKGSK	60	1	1	AT4G38740.1	C3(Carbamidomethyl)		2229.17539	0	3.52163E-06				
	VGSSSGKPTKPVVVADCGQLS	48	1	1	AT4G38740.1	C17(Carbamidomethyl)		2073.06059	0	0.000193617				
	AIEKVGSSSGKPTKPVVVADCGQLS	40	1	1	AT4G38740.1	C21(Carbamidomethyl)		2514.31784	0	0.000226932				
	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	7	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M9(Oxidation); C24(Carbamidomethyl)		2809.33390	0	1.16102E-06				
	VYFDMTIDGQPAGR	4	1	1	AT4G38740.1			1569.73606	0	0.009765803				
	FHRVIPNFMCQGGDFTAGNGTGGESIYGSK	11	1	1	AT4G38740.1	M9(Oxidation); C10(Carbamidomethyl)		3220.45449	0	9.9659E-07				
	IVMELYTDK	4	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M3(Oxidation)		1127.56316	0	0.000871137				
	GVGGTGKPLHFKGSKFHR	8	1	1	AT4G38740.1			1910.04629	0	0.004772476				
	VIPNFMCQGGDFTAGNGTGGESIYGSK	32	1	1	AT4G38740.1	C7(Carbamidomethyl)		2764.22417	0	9.01267E-07				
	VIPNFMCQGGDFTAGNGTGGESIYGSK	1	1	1	AT4G38740.1	M6(Oxidation); C7(Carbamidomethyl)		2780.21994	0	0.00223079				
	FHRVIPNFMCQGGDFTAGNGTGGESIYGSK	9	1	1	AT4G38740.1	C10(Carbamidomethyl); Q11(Deamidated)		3205.46335	0	2.99608E-09				
	FEDENFER	20	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			1085.45159	0	0.000868758				
	VYFDMTIDGQPAGR	3	1	1	AT4G38740.1	M5(Oxidation)		1585.73064	0	6.67305E-05				
	IVMELYTDK	20	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			1111.56975	0.00008	0.004079224				
	GVGGTGKPLHFKGSK	8	1	1	AT4G38740.1			1469.81971	0.000156	0.004405482				
	AIEKVGSSSGKPTKPVVVADCGQLS	1	1	1	AT4G38740.1	C21(Carbamidomethyl); Q23(Deamidated)		2515.32273	0.000161	0.01064917				
	VGSSSGKPTKPVVVADCGQLS	11	1	1	AT4G38740.1	C17(Carbamidomethyl); Q19(Deamidated)		2074.04844	0.00119	0.01882993				
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	2	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	N12(Deamidated); Q21(Deamidated); C25(Carbamidomethyl)		2923.41684	0.026027	0.5309006				
	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	3	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	S8(Phospho); C24(Carbamidomethyl)		2873.30117	0.027543	0.4591594	37	1.0	T(2): 0.7; S(8): 95.1; T(16): 2.0; S(19): 2.0; T(25): 0.1	
AT2G21130.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family pr	68.97	1	4		10		272						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	15	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M10(Oxidation); C25(Carbamidomethyl)		2937.42551	0	1.96345E-14				
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	32	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	C25(Carbamidomethyl)		2921.44590	0	7.10243E-11				
	HVVFGQVVEGLDVVK	52	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			1624.90508	0	2.88015E-08				
	TDWLDGKHVVFGQVVEGLDVVK	68	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1			2440.28904	0	0.000177465				
	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	7	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M9(Oxidation); C24(Carbamidomethyl)		2809.33390	0	1.16102E-06				
	IVMELYTDK	4	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	M3(Oxidation)		1127.56316	0	0.000871137				
	IVMELYTDKTPK	1	1	1	AT2G21130.1	M3(Oxidation)		1453.75925	0	0.000462642				
	IGSSSGKPTKPVVIADCGEISS	24	1	1	AT2G21130.1	C17(Carbamidomethyl)		2189.10917	0	0.001851026				
	VFFDMTIGGAPAGK	20	1	1	AT2G21130.1			1410.70683	0	3.62891E-08				

	FEDENFER	20	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1		1085.45159	0	0.000868758			
	VIPNFMCQGGDFTK	4	1	1	AT2G21130.1	C7(Carbamidomethyl)	1613.74272	0	0.001685161			
	IVMELYTDK	20	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1		1111.56975	0.00008	0.004079224			
	KHTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	2	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	N12(Deamidated); Q21(Deamidated); C25(Carbamidomethyl)	2923.41684	0.026027	0.5309006			
	HTGPGILSMANAGANTNGSQFFICTVK	3	2	2	AT4G38740.1;AT2G21130.1	S8(Phospho); C24(Carbamidomethyl)	2873.30117	0.027543	0.4591594	37	1.0	T(2): 0.7; S(8): 95.1; T(16): 2.0; S(19): 2.0; T(25): 0.1
AT1G56710.1	Pectin lyase-like superfamily protein	10.14	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NVTCGPSHGISIGSLGVHNSQAYVSNITVTNSTIWNSDNGVRIK	2	1	1	AT1G56710.1	T3(Phospho); C4(Carbamidomethyl); T33(Phospho); S37(Phospho)	4894.19887	0.027961	0.5437151			Too many isoforms
AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase family protein	5.39	1	1		2	19					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	HAEARHHSRDTPILEIVSFGSELSNR	18	1	1	AT3G42850.1	S8(Phospho)	3038.44497	0.028666	0.7453296	0	0.2	S(8): 19.6; T(11): 19.6; S(18): 19.9; S(21): 19.9; S(24): 21.1
	RELGVPDNVKLLIFNFGGQPTGWTLK	1	1	1	AT3G42850.1	T21(Phospho)	2979.53442	0.627986	1	3	0.4	T(21): 38.6; T(24): 61.4
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfami	89.40	7	18		19	1064					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VFDIIYEFIPK	88	1	1	AT4G23670.1		1383.75737	0	1.95506E-07			
	SENHVFADAIGHHIQNVVVHEGEHDSHGSIR	156	1	1	AT4G23670.1		3427.62046	0	4.24358E-05			
	RNDDFPEPSGYMK	7	1	1	AT4G23670.1	M12(Oxidation)	1571.67681	0	2.18365E-06			
	QMVVDIEGHVNKA	20	1	1	AT4G23670.1	M2(Oxidation)	1455.72283	0	1.66261E-05			
	QMVVDIEGHVNKA	72	1	1	AT4G23670.1		1439.72759	0	0.00013083			
	GLDGHVMEHLKVFDIIYEFIPK	112	1	1	AT4G23670.1		2600.35874	0	6.43448E-09			
	NDDFPEPSGYMK	40	1	1	AT4G23670.1		1399.58220	0	7.85435E-05			
	RGLDGHVMEHLKVFDIIYEFIPK	64	1	1	AT4G23670.1		2756.45278	0	1.58152E-07			
	NDDFPEPSGYMK	6	1	1	AT4G23670.1	M11(Oxidation)	1415.57536	0	5.07407E-05			
	SWKSENHVFADAIGHHIQNVVVHEGEHDSHGSIR	88	1	1	AT4G23670.1		3828.83497	0	9.74386E-10			
	RNDDFPEPSGYMK	56	1	1	AT4G23670.1		1555.68181	0	0.000222795			
	QMVVDIEGHVNK	32	1	1	AT4G23670.1		1368.69312	0	1.49156E-05			
	GLDGHVMEHLK	48	1	1	AT4G23670.1		1235.61675	0	0.000567827			
	GLDGHVMEHLK	12	1	1	AT4G23670.1	M7(Oxidation)	1251.61467	0	0.000269271			
	RGLDGHVMEHLK	9	1	1	AT4G23670.1	M8(Oxidation)	1407.71198	0	0.000667841			
	RGLDGHVMEHLK	32	1	1	AT4G23670.1		1391.71964	0	4.54681E-07			
	EIDDENKTLTKR	44	1	1	AT4G23670.1		1461.75080	0	0.008224649			
	RGLDGHVMEHLKVFDIIYEFIPK	10	1	1	AT4G23670.1	M8(Oxidation)	2772.44716	0	5.70044E-06			
	FVKQMVVDIEGHVNKA	40	1	1	AT4G23670.1		1813.96378	0	4.49526E-16			
	GLDGHVMEHLKVFDIIYEFIPK	8	1	1	AT4G23670.1	M7(Oxidation)	2616.34633	0	0.000128066			
	FVKQMVVDIEGHVNKA	9	1	1	AT4G23670.1	M5(Oxidation)	1829.95255	0	4.33011E-05			
	ATSGTYVTEVPLKGSAEKHYK	9	3	1	AT4G23670.1	N-Term(Acetyl)	2308.17588	0	6.71391E-06			
	ATSGTYVTEVPLKGSAEK	9	4	1	AT4G23670.1	N-Term(Acetyl)	1879.96160	0	3.45282E-07			
	SENHVFADAIGHHIQNVVVHEGEHDSHGSIR	3	1	1	AT4G23670.1	Q15(Deamidated); N16(Deamidated)	3429.59333	0	8.55463E-06			
	SWKSENHVFADAIGHHIQNVVVHEGEHDSHGSIR	18	1	1	AT4G23670.1	N6(Deamidated)	3829.83628	0	0.000390282			
	SWDYTYDGKK	16	1	1	AT4G23670.1		1262.56755	0	0.004296248			
	ATSGTYVTEVPLK	1	7	1	AT4G23670.1	N-Term(Acetyl)	1407.73357	0	0.000931854			
	SENHVFADAIGHHIQNVVVHEGEHDSHGSIR	18	1	1	AT4G23670.1	N16(Deamidated)	3428.62612	0	1.4761E-09			
	EIDDENKTLTK	8	1	1	AT4G23670.1		1305.65007	0.000657	0.008740901			
	ITMIWEK	24	5	2	AT4G23670.1;AT3G26450.1		920.49101	0.001985	0.06451562			
	ATSGTYVTEVPLKGSAEK	4	4	1	AT4G23670.1	T2(Phospho)	1917.91213	0.032722	0.4923883	48	0.2	T(2): 24.5; S(3): 24.5; T(5): 24.5; Y(6): 24.5; T(8): 1.9; S(15): 0.0
	QMVVDIEGHVNKA	1	1	1	AT4G23670.1	N11(Deamidated)	1440.71880					
AT4G21620.1	glycine-rich protein	35.11	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SGNDGLGFGGVPGSGFIPGFGNGFPGTGVGGGYGGGFGGPSGG	2	1	1	AT4G21620.1	S1(Phospho); S41(Phospho)	4181.80991	0.033473	0.4974105	0	0.1	S(1): 40.3; S(14): 40.0; T(27): 40.2; Y(33): 39.8; S(41): 39.8
AT2G35040.2	AICARFT/IMPCHase bienzyme family protein	34.68	2	12		13	206					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	YGVSLLFTNVR	24	2	1	AT2G35040.2		1268.70220	0	0.00050323			
	VKTLHPNIHGGILAR	24	2	1	AT2G35040.2		1625.95949	0	3.64402E-05			
	LTHFPEMLDGR	28	2	1	AT2G35040.2		1315.64673	0	0.000239932			
	VTAPGGISFEDGIENIDIGGPAMIR	8	2	1	AT2G35040.2		2529.26090	0	0.001753502			
	TLHPNIHGGILAR	24	2	1	AT2G35040.2		1398.79648	0	0.000721127			
	DLASLGNGLQELGYTIVSTGGTASTLENAGVSVTK	24	2	1	AT2G35040.2		3423.74704	0	8.63062E-06			
	MFYEIVVAPK	12	2	1	AT2G35040.2		1196.63664	0	0.000726555			
	GAALASDAFFPFAWK	20	2	1	AT2G35040.2		1598.80022	0	4.65395E-05			
	DAVEEACQMGIGVIAEPGGSIR	12	2	1	AT2G35040.2	C7(Carbamidomethyl)	2259.07305	0	0.001677212			
	YGVSLLFTNVRHFRH	16	2	1	AT2G35040.2		1845.98581	0.003802	0.1215765			
	SLAEVNAGGIATAIQHHGK	8	2	1	AT2G35040.2		1873.98520	0.004592	0.203794			
	DLASLGNGLQELGYTIVSTGGTASTLENAGVSVTKVEK	1	2	1	AT2G35040.2	S4(Phospho); T15(Phospho); S18(Phospho)	4019.86318	0.033784	0.7839063	0	0.0	S(4): 29.8; Y(14): 30.8; T(15): 29.9; S(18): 30.7; T(19): 29.9; T(22): 29.5; S(24): 29.5; T(25): 29.7; S(32): 30.5; T(34): 29.7
	DLASLGNGLQELGYTIVSTGGTASTLENAGVSVTK	2	2	1	AT2G35040.2	N28(Deamidated)	3424.74717	0.062853	0.7723287			
	NNCMLGMGSSGQPNRVESLR	3	2	1	AT2G35040.2	C3(Carbamidomethyl); Q11(Deamidated); N13(Deamidated)	2121.93349	0.14696	1			
AT5G02460.1	Dof-type zinc finger DNA-binding family protein	11.03	1	1		1	5					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LMPPLDFTDNFTLQYGAVSAPSYHIGGGSSGGAAALLNGFDQWF	5	1	1	AT5G02460.1	T12(Phospho); Y15(Phospho)	4759.12061	0.03584	0.5673248	1	0.0	T(8): 25.0; T(12): 25.0; Y(15): 25.0; S(19): 25.0; S(22): 25.0; Y(23): 25.0; S(29): 25.0; S(30): 25.0
AT4G18501.1	unknown protein; Has 35333 Blast hits to 34131 proteins ir	21.10	1	1		1	3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	KPLQDITNLFVSSSPLSSSFLIR	3	1	1	AT4G18501.1	S17(Phospho)	2629.35773	0.036814	0.5738337	8	0.2	T(7): 3.4; S(12): 9.4; S(13): 9.4; S(14): 9.4; S(17): 16.9; S(18): 16.9; S(19): 34.6
AT1G32320.1	MAP kinase kinase 10	11.15	1	1		1	3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GSLHDALLAQQVFSEPMVSSLANRILQGLRYLQK	3	1	1	AT1G32320.1	S2(Phospho); S19(Phospho)	3942.96125	0.038116	0.7957316	8	0.1	S(2): 83.1; S(14): 13.7; S(19): 13.0; S(20): 13.0; Y(31): 77.3
AT1G02780.1	Ribosomal protein L19e family protein	25.70	2	2		5	173					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GPGGDVAPVAAPAPAATPAPTAAVPK	64	1	1	AT1G02780.1		2251.20171	0	6.32989E-08			
	EKTLSDQFEAKR	16	2	2	AT1G02780.1;AT4G02230.1		1451.74555	0	0.02215499			
	LAKGPGGDVAPVAAPAPAATPAPTAAVPK	40	1	1	AT1G02780.1		2563.41446	0	3.98757E-05			
	DGFIIRKPTKIHSR	48	3	2	AT1G02780.1;AT4G02230.1		1667.96738	0	3.99453E-05			
	EKTLSDQFEAK	4	2	2	AT1G02780.1;AT4G02230.1		1295.64397	0	0.003249175			
	LAKGPGGDVAPVAAPAPAATPAPTAAVPK	1	1	1	AT1G02780.1	T20(Phospho)	2643.38578	0.039518	0.5168349	12	0.8	T(20): 77.1; T(24): 22.9
AT5G60600.3	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	22.32	3	12		12	185					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AQFETIDYTEDEYQK	28	3	1	AT5G60600.3		1879.82158	0	6.81025E-08			
	TLFDLQEISAEIR	8	3	1	AT5G60600.3		1534.81035	0	8.34928E-08			
	LVVGMPFKDLATVDSILLR	16	3	1	AT5G60600.3		2087.19962	0	3.22818E-06			
	DKLVQLNYNIPLVADIHFAPTVALR	28	3	1	AT5G60600.3		2820.58047	0	2.09537E-06			
	HRHYFDFQR	8	3	1	AT5G60600.3		1305.62143	0	0.0002882			
	QKYCESLHKTVR	24	3	1	AT5G60600.3	C4(Carbamidomethyl)	1548.79026	0	0.002045828			
	LVQLNYNIPLVADIHFAPTVALR	9	3	1	AT5G60600.3	N7(Deamidated)	2578.45438	0	0.000460569			
	LVQLNYNIPLVADIHFAPTVALR	32	3	1	AT5G60600.3		2577.44931	0	2.92332E-10			
	DITGTVDEVMR	8	3	1	AT5G60600.3		1235.59148	0	0.000969069			
	DKLVQLNYNIPLVADIHFAPTVALR	3	3	1	AT5G60600.3	N9(Deamidated)	2821.56679	0	4.04569E-05			
	IRVNPGNFADRR	12	3	1	AT5G60600.3		1414.76575	0.000573	0.01672774			

	IADKGADIVR	4	3	1	AT5G60600.3		1057.60100	0.002172	0.0528205				
	LQQGVAPFEEK	4	2	1	AT5G60600.3		1245.65044	0.005268	0.1707007				
	ATGVLPAPVSGIKIPDSKVGFGK	1	3	1	AT5G60600.3	T2(Phospho); S10(Phospho); S17(Phospho)	2478.17666	0.040457	0.5358159	19	1.0	T(2): 100.0; S(10): 100.0; S(17): 100.0	
AT5G05890.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	9.01	1	1		1	4						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	WAPQQDVLKHRAIGGFLTHNGWSSTVESVCEAVPMICLPFR	4	1	1	AT5G05890.1	S23(Phospho); C30(Carbamidomethyl); C37(Carbamidomethyl)	4774.28611	0.042016	0.7957316	0	0.2	T(18): 20.0; S(23): 20.0; S(24): 20.0; T(25): 20.0; S(28): 20.0	
AT1G51120.1	AP2/B3 transcription factor family protein	10.51	1	1		1	2						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TTTETSGLTDSVLSLTKRMKPTEVTTTTKPALSNTTK	2	1	1	AT1G51120.1	T1(Phospho); T2(Phospho); T3(Phospho); T28(Phospho); S33(Phospho); T35(Phospho); T36(Phospho)	4499.82485	0.043542	0.5369383			Too many isoforms	
AT2G33210.1	heat shock protein 60-2	35.73	2	8		14	334						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	QVANATNDVAGDGTTCATVLTR	64	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1	C16(Carbamidomethyl)	2235.06304	0	7.08582E-12				
	LLEQDNPDLGYDAAK	24	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1		1661.80058	0	4.9814E-06				
	AAVEEGIVPGGGVALLYASK	24	2	1	AT2G33210.1		1901.03411	0	0.000418699				
	TLFNELEVVEGMK	32	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1		1508.76616	0	1.12586E-06				
	SVAAGMNAMDLR	7	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1	M6(Oxidation); M9(Oxidation)	1267.57390	0	5.10261E-05				
	GVEDLADAVK	24	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1		1016.52526	0	6.93701E-05				
	QRPLLIVAEDVESDALATLILNKLR	36	2	1	AT2G33210.1		2790.60781	0	8.10057E-05				
	TALVDAASVSSLLTTTEAVVTEIPTK	44	2	1	AT2G33210.1		2617.41794	0	5.83456E-08				
	IGVQIIQNALK	24	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1		1196.73589	0	5.38377E-05				
	IGVQIIQNALKTPVYTIASNAGVEGAVVVGK	16	2	1	AT2G33210.1		3109.75083	0	0.001354947				
	QRPLLIVAEDVESDALATLILNK	16	2	1	AT2G33210.1		2521.42051	0	0.006208559				
	SVAAGMNAMDLR	4	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1		1235.58574	0	0.000408953				
	ANIKVCAVKAPGFGENR	4	1	1	AT2G33210.1	C6(Carbamidomethyl)	1830.95816	0	0.000325968				
	QRPLLIVAEDVESDALATLILNK	2	2	1	AT2G33210.1	Q1(Deamidated)	2522.42008	0.000414	0.0161898				
	QVANATNDVAGDGTTCATVLTR	3	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1	Q1(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	2236.05942	0.000836	0.02593152				
	ISNINAMVK	6	2	1	AT2G33210.1	M7(Oxidation)	1005.54094	0.001591	0.051295				
	VTDALNATKAAVEEGIVPGGGVALLYASK	2	2	1	AT2G33210.1	Y26(Phospho)	2894.50088	0.043878	0.6594587	3	0.3	T(2): 12.3; T(8): 17.4; Y(26): 25.8; S(28): 44.5	
	IGVQIIQNALK	2	3	2	AT3G23990.1;AT2G33210.1	Q4(Deamidated); Q7(Deamidated)	1198.70505						
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.16	1	1		1	4						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	QFTGQSLAFGKVIKQIK	4	1	1	AT1G70200.1	S6(Phospho)	1973.05167	0.047422	0.6522376	35	0.1	T(3): 86.5; S(6): 13.5	
AT5G57590.1	adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminas	8.40	1	1		4	8						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SLLIMLR	5	1	1	AT5G57590.1		845.52556	0.00425	0.1526734				
	FGHVMFPENVYEPALKCAELLLDGVGKGWASR	1	1	1	AT5G57590.1	C17(Carbamidomethyl); S31(Phospho)	3670.77334	0.048751	0.6902003	3	0.7	Y(11): 33.9; S(31): 66.1	
	LLYLKPIQTGFPSDSDSRFVFSK	1	1	1	AT5G57590.1	T9(Phospho); S15(Phospho)	2805.34879	0.501444	1	15	0.1	Y(3): 48.3; T(9): 48.3; S(13): 31.9; S(15): 31.9; S(17): 31.9; S(22): 7.8	
	LLTKLYKR	1	1	1	AT5G57590.1	Y6(Phospho)	1114.64543			57	1.0	T(3): 0.1; Y(6): 99.9	

Tabelle B3-b: List of Phosphoproteins linked to the associated phosphopeptides identified in this study

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sensitive factc	8.00	1	1	1	3						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSKR	3	1	1	AT5G61210.1	S9(Phospho)	2795.21743	0	3.14691E-05	25	0.8	S(1): 5.7; S(2): 5.7; S(9): 82.9; S(13): 1.9; T(18): 1.9; S(22): 1.9
AT5G55230.1	microtubule-associated proteins 65-1	24.19	2	8	8	71						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	IMSLIDSGNVEPTELLADMDSQISK	16	2	1	AT5G55230.1		2706.32077	0	0.000625617			
	DLIEQAEVEVDRLDQLK	20	1	1	AT5G55230.1		2013.04776	0	0.001292979			
	KVQEQPHVEQESAFSTRPSPARPVSAK	4	2	1	AT5G55230.1		2990.54238	0	4.9774E-05			
	ETLNRPAAPTNYVAISK	8	2	1	AT5G55230.1		1844.98386	0	0.001043933			
	EEAASSPVSGAADHQVPASP	1	2	1	AT5G55230.1	S19(Phospho)	1986.84136	0	0.000180672	74	1.0	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(19): 100.0
	AELLQTLSDANAELSSLTMSLGDK	8	2	1	AT5G55230.1		2507.25492	0	3.43907E-07			
	IPAMVDTLVAK	8	2	1	AT5G55230.1		1157.66020	0.000075	0.000835539			
	KVQEQPHVEQESAFSTRPSPARPVSAKK	4	2	1	AT5G55230.1		3118.62710	0.000092	0.00193392			
	KVQEQPHVEQESAFSTRPSPARPVSAKK	1	2	1	AT5G55230.1	Q10(Deamidated)	3119.62539	0.000237	0.004916265			
	IMSLIDSGNVEPTELLADMDSQISK	1	2	1	AT5G55230.1	N9(Deamidated)	2707.31760	0.004346	0.0879367			
AT5G53620.1	unknown protein; INVOLVED IN: biologic	20.23	1	5	6	114						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	48	1	1	AT5G53620.1		2831.31422	0	3.98665E-07			
	LHVHTVQQLQQELANVR	16	1	1	AT5G53620.1		2013.09684	0	3.4689E-06			
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	9	1	1	AT5G53620.1	S18(Phospho)	2911.28066	0	7.47527E-05	33	1.0	S(3): 0.1; S(5): 0.1; S(18): 96.3; S(23): 3.5
	TNSGGASQTIQNSGNQFDAHGNSAESANIS	9	1	1	AT5G53620.1	N15(Deamidated)	3587.61049	0	1.12021E-06			
	TNSGGASQTIQNSGNQFDAHGNSAESANIS	4	1	1	AT5G53620.1		3586.61855	0	4.23343E-05			
	METAASSVATTR	3	1	1	AT5G53620.1	N-Term(Acetyl)	1266.59844	0	0.0006606			
	SLLTCILR	12	1	1	AT5G53620.1	C5(Carbamidomethyl)	975.56450	0.000147	0.005708416			
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	5	1	1	AT5G53620.1	Q16(Deamidated)	2832.31345	0.001387	0.02248409			
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	6	1	1	AT5G53620.1	N7(Deamidated); N14(Deamidated)	2833.29653	0.00162	0.03242357			
	MVAASAAAAKVAAAAAASSSPNSIYVAMTI	2	1	1	AT5G53620.1	S5(Phospho); S18(Phospho); S19(Phospho)	3961.82004	0.433189	1	1	0.0	S(5): 44.8; S(18): 35.1; S(19): 35.1; S(20): 35.1; S(23): 35.2; Y(25): 37.6; T(29): 36.4; S(34): 40.7
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 i	81.83	1	39	40	1992						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LPISGGGSGVEEQR	24	1	1	AT5G52310.1		1385.69939	0	1.33355E-09			
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDA	56	1	1	AT5G52310.1		4265.85415	0	5.68924E-14			
	NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	64	1	1	AT5G52310.1		2233.04814	0	1.05176E-11			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	48	1	1	AT5G52310.1		2371.03325	0	2.34433E-10			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQF	72	1	1	AT5G52310.1		3509.56272	0	3.06295E-10			
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	108	1	1	AT5G52310.1		2575.25493	0	9.67558E-07			
	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	84	1	1	AT5G52310.1		2752.34983	0	3.22153E-11			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	8	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	2387.02475	0	1.71907E-10			
	NSPMGFGSESGAELEK	24	1	1	AT5G52310.1		1639.72331	0	1.93437E-08			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEY	64	1	1	AT5G52310.1		4004.81577	0	3.6592E-16			
	DSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	80	1	1	AT5G52310.1		2852.36284	0	2.31701E-07			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEY	24	1	1	AT5G52310.1		4132.92202	0	3.35604E-08			
	SSGWFGGGATEEVKPK	48	1	1	AT5G52310.1		1636.79411	0	5.76465E-07			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	68	1	1	AT5G52310.1		3186.56577	0	2.51169E-07			
	TETLDQFSPELSHPK	84	1	1	AT5G52310.1		1728.83843	0	1.59857E-07			
	FPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	68	1	1	AT5G52310.1		2354.11186	0	4.57585E-07			
	NSPMGFGSESGAELEK	6	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	1655.72222	0	3.73123E-07			
	AASEEGEAVEEEVK	28	1	1	AT5G52310.1		1476.66838	0	1.4609E-07			
	GRPGYGEASEEDKFPAR	116	1	1	AT5G52310.1		1865.87895	0	6.36802E-07			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	76	1	1	AT5G52310.1		2699.28325	0	3.6592E-16			
	EFDQDFDSVLGK	28	1	1	AT5G52310.1		1399.63689	0	1.24959E-05			
	SDDVEVETELGR	24	1	1	AT5G52310.1		1348.62175	0	3.6592E-16			
	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	20	1	1	AT5G52310.1		2511.17466	0	0.000133902			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQF	8	1	1	AT5G52310.1	M16(Oxidation)	3525.54966	0	5.35165E-09			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDC	56	1	1	AT5G52310.1		4150.89809	0	5.11612E-09			
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	48	1	1	AT5G52310.1		3058.46953	0	0.000120013			
	ETNVPASEEIIPPGTK	72	1	1	AT5G52310.1		1681.86174	0	6.93204E-06			
	VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHS	60	1	1	AT5G52310.1		3556.72080	0	3.6592E-16			
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	48	1	1	AT5G52310.1		2192.11504	0	1.01764E-07			
	RDVPIHHPLSELSDR	24	1	1	AT5G52310.1		1770.92397	0	1.13483E-06			
	SDDVEVETELGRDPK	52	1	1	AT5G52310.1		1688.79936	0	6.71533E-05			
	NESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	28	1	1	AT5G52310.1		2409.11203	0	2.39586E-07			
	DVPTGFDGEPDFLAK	48	1	1	AT5G52310.1		1607.75847	0	1.30933E-15			
	DVPIHHPLSELSDR	64	1	1	AT5G52310.1		1614.82170	0	5.76491E-05			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDC	3	1	1	AT5G52310.1	M22(Oxidation)	4166.90590	0	2.49728E-07			
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	24	1	1	AT5G52310.1		2147.98313	0	1.75726E-06			
	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	17	1	1	AT5G52310.1	N-Term(Acetyl)	3304.44028	0	2.27614E-08			
	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	14	1	1	AT5G52310.1	S17(Phospho)	2832.32499	0	0.00015799	60	1.0	T(10): 0.0; S(17): 98.7; S(20): 1.3
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	15	1	1	AT5G52310.1	N2(Deamidated)	3059.44219	0	9.82166E-06			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQF	6	1	1	AT5G52310.1	N15(Deamidated)	3510.55991	0	1.84806E-09			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDC	12	1	1	AT5G52310.1	N21(Deamidated); Q31(Deamidated)	4152.88540	0	3.27879E-07			
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDA	21	1	1	AT5G52310.1	Q3(Deamidated)	4266.86262	0	2.46969E-07			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	6	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	2715.28618	0	1.07136E-09			
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	10	1	1	AT5G52310.1	S1(Phospho)	2272.09087	0	0.000239707	126	1.0	S(1): 99.3; S(4): 0.7; S(8): 0.0; S(11): 0.0; S(14): 0.0; T(15): 0.0
	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	6	1	1	AT5G52310.1	S15(Phospho)	2591.13681	0	7.25676E-05	55	0.9	T(8): 0.4; S(15): 94.7; S(18): 5.0
	VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHS	1	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	3557.74033	0	1.09256E-07			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDC	6	1	1	AT5G52310.1	Q31(Deamidated)	4151.88681	0	1.33652E-07			
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	10	1	1	AT5G52310.1	Q24(Deamidated)	2576.23716	0	2.51153E-06			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	5	1	1	AT5G52310.1	N3(Deamidated); Q27(Deamidated)	3188.54038	0	0.003761133			
	TETGMDTNSPSR	8	1	1	AT5G52310.1		1295.55046	0	0.000111298			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEY	6	1	1	AT5G52310.1	Q36(Deamidated)	4005.82468	0	1.58554E-06			
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDA	6	1	1	AT5G52310.1	N5(Deamidated); Q9(Deamidated)	4267.84040	0	5.63478E-08			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	2	1	1	AT5G52310.1	Q18(Deamidated)	2700.28374	0	0.002691354			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEY	4	1	1	AT5G52310.1	Q36(Deamidated)	4133.91762	0	2.21169E-08			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	6	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated)	2372.01999	0	8.64688E-06			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	14	1	1	AT5G52310.1	N3(Deamidated)	3187.56919	0	3.39337E-05			
	SHELDLK	20	1	1	AT5G52310.1		841.44054	0.000092	0.001736422			
	TETGMDTNSPSR	1	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1311.54302	0.000094	0.000905687			
	TETLDQFSPELSHPK	1	1	1	AT5G52310.1	Q6(Deamidated)	1729.82389	0.000103	0.001370883			
	AFSDMVAEK	8	1	1	AT5G52310.1		997.46776	0.000162	0.002179991			
	SHEFDLK	12	3	2	AT5G52300.1;AT5G52310.1		875.42479	0.000181	0.005875067			
	DQETESAVTTK	4	1	1	AT5G52310.1		1208.56218	0.000644	0.01248843			
	DEKTEEPKQSTYTEK	4	1	1	AT5G52310.1		1812.84555	0.002845	0.05718769			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQF	2	1	1	AT5G52310.1	N15(Deamidated); Q25(Deamidated); Q29(Deamidated)	3512.50376	0.002935	0.05747322			

	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEY	1	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated); Q36(Deamidated)		4006.80483	0.003393	0.09319748			
	SHDFDMK	4	1	1	AT5G52310.1			879.36473	0.008478	0.2133056			
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	3	1	1	AT5G52310.1	N2(Deamidated); N24(Deamidated)		3060.45975	0.041503	0.584452			
AT5G04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	11.82	2	3			3	79					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	40	2	1	AT5G04430.1			2346.10097	0	2.25156E-05			
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	10	2	1	AT5G04430.1	S2(Phospho)		2426.06704	0	9.57002E-06	46	1.0	S(2): 98.1; S(8): 1.0; S(9): 1.0; S(13): 0.0; T(18): 0.0
	LHSELHAEDGNEVEPR	24	2	1	AT5G04430.1			1831.85282	0	5.77146E-06			
	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	5	2	1	AT5G04430.1	S1(Phospho)		2269.96206	0.001774	0.04166694	2	0.1	S(1): 10.5; S(7): 17.6; S(8): 17.6; S(12): 36.6; T(17): 17.6
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting	11.96	1	4			4	133					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SMSAPSLQPLQGVPSGGLQSSEVKPSGR	40	1	1	AT4G13350.1			2781.42167	0	2.35179E-05			
	EILGDSVIPLR	24	1	1	AT4G13350.1			1211.69951	0	4.94255E-05			
	SGTSLSSLMSTNEKPPEVK	24	1	1	AT4G13350.1			1991.99302	0	8.07682E-06			
	SMSAPSLQPLQGVPSGGLQSSEVKPSGR	13	1	1	AT4G13350.1	S3(Phospho)		2861.38144	0	0.009637008	21	0.1	S(1): 13.6; S(3): 13.6; S(6): 62.2; S(15): 3.5; S(20): 3.5; S(21): 3.5; S(26): 0.2
	SMSAPSLQPLQGVPSGGLQSSEVKPSGR	1	1	1	AT4G13350.1	M2(Oxidation)		2797.41300	0	2.39108E-05			
	DLGSASPPVARPVR	20	1	1	AT4G13350.1			1421.78519	0.000142	0.004324434			
	SMSAPSLQPLQGVPSGGLQSSEVKPSGR	3	1	1	AT4G13350.1	Q11(Deamidated)		2782.40549	0.000173	0.002351226			
	DLGSASPPVARPVR	8	1	1	AT4G13350.1	S6(Phospho)		1501.75176	0.003835	0.09774711	35	1.0	S(4): 4.8; S(6): 95.2
AT3G43300.2	HOPM interactor 7	16.33	2	16			20	431					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VVTQAAPSSIVESSQAEGGGEK	64	2	1	AT3G43300.2			2131.04863	0	3.42489E-11			
	TGVEADEPQKVTSAEVAQQASQSK	32	2	1	AT3G43300.2			2488.21488	0	7.96534E-08			
	GSSLQCLVNVLK	12	2	1	AT3G43300.2	C6(Carbamidomethyl)		1317.71843	0	0.000802315			
	EMTLGDALTQAK	28	2	1	AT3G43300.2			1277.63933	0	5.61158E-05			
	GGLVSILNLGLPK	24	2	1	AT3G43300.2			1280.79460	0	7.24703E-05			
	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	32	2	1	AT3G43300.2			2614.22092	0	4.70793E-06			
	IGTHGTSLESGIPPKADGSEGRPSSSGR	52	2	1	AT3G43300.2			2737.34365	0	3.6592E-16			
	GGLVSILNLGLPKR	24	2	1	AT3G43300.2			1436.89542	0	0.000340278			
	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	59	2	1	AT3G43300.2	S10(Phospho)		2694.18436	0	3.29169E-05	46	0.7	S(1): 0.1; S(2): 0.1; T(7): 1.7; S(10): 73.2; S(11): 19.3; Y(13): 5.5; T(19): 0.0; S(23): 0.0
	AIQAYQDGSKVVTQAAPSSIVESSQAEGGGI	24	2	1	AT3G43300.2			3192.56760	0	2.32855E-07			
	DTTLASVEELHTLVGGADIK	24	2	1	AT3G43300.2			2069.07730	0	1.17621E-05			
	DTTLASVEELHTLVGGADIKGLEAALDK	4	2	1	AT3G43300.2			2866.51059	0	0.000503148			
	FMDNLFLR	16	2	1	AT3G43300.2			1055.53447	0	0.000192871			
	AELTNFTFQNDILKPFVIIMR	4	2	1	AT3G43300.2			2510.33860	0.000075	0.000467472			
	LVERNPASVAQFLR	8	2	1	AT3G43300.2			1599.89737	0.000076	0.000362823			
	DALLVFR	12	2	1	AT3G43300.2			833.48784	0.00041	0.00957731			
	LVSFCEQVLK	4	2	1	AT3G43300.2	C5(Carbamidomethyl)		1222.64531	0.004615	0.1235303			
	TGVEADEPQKVTSAEVAQQASQSK	4	2	1	AT3G43300.2	Q19(Deamidated)		2489.21665	0.021268	0.3768511			
	VLLTAVASGKFK	1	2	1	AT3G43300.2	T4(Phospho)		1313.72275	0.5438	1	7	0.7	T(4): 67.8; S(8): 32.2
	EAENSTRNANEDSASTGEPIETKSR	1	2	1	AT3G43300.2	S5(Phospho)		2773.20755	0.67186	1	7	0.4	S(5): 37.8; T(6): 19.4; S(13): 8.6; S(15): 8.6; T(16): 8.6; T(22): 8.6; S(24): 8.6
	EMRSKNVEALR	1	2	1	AT3G43300.2	S4(Phospho)		1412.66411			29	1.0	S(4): 100.0
	AIQAYQDGSKVVTQAAPSSIVESSQAEGGGI	1	2	1	AT3G43300.2	S19(Phospho); S23(Phospho)		4407.00551			2	0.0	Y(5): 24.4; S(9): 24.4; T(13): 24.4; S(18): 24.4; S(19): 26.2; S(23): 27.2; S(24): 24.4; T(33): 24.4
AT2G45820.1	Remorin family protein	29.47	1	6			6	164					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TSKVDVESPAVLAPAKEPTPAPVEVADEK	48	1	1	AT2G45820.1			2974.56113	0	4.40328E-09			
	VDVESPAVLAPAKEPTPAPVEVADEK	24	1	1	AT2G45820.1			2658.38431	0	2.95319E-08			
	VAAIHKLAEEKR	24	1	1	AT2G45820.1			1364.79728	0	0.000949421			
	ALAVVEKPIEEHTPK	40	1	1	AT2G45820.1			1660.92496	0	0.000358524			
	ALAVVEKPIEEHTPK	7	1	1	AT2G45820.1	T13(Phospho)		1740.89280	0	0.005446159	52	1.0	T(13): 100.0
	VDVESPAVLAPAK	16	1	1	AT2G45820.1			1295.72051	0	0.000117039			
	EPTPAPVEVADEK	4	1	1	AT2G45820.1			1381.68266	0.001285	0.03028494			
	VDVESPAVLAPAKEPTPAPVEVADEK	1	1	1	AT2G45820.1	T16(Phospho)		2738.34852	0.617126	1	3	0.6	S(5): 35.6; T(16): 64.4
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	26.94	2	16			18	378					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AHQNQTTNQTVFLKPAK	48	1	1	AT1G37130.1			1926.01627	0	1.42964E-07			
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	84	1	1	AT1G37130.1			2440.25296	0	1.26437E-08			
	KGGALNVCFEGSEDLPGGAGTAGSK	20	1	1	AT1G37130.1	C8(Carbamidomethyl)		2379.12668	0	1.05039E-10			
	DEYTADSWIER	12	1	1	AT1G37130.1			1384.59966	0	0.000474787			
	LTGKHPFNSEAPLNR	8	1	1	AT1G37130.1			1680.87773	0	0.000596752			
	DEYTADSWIERNPSMVR	16	1	1	AT1G37130.1			2068.93741	0	0.001255206			
	SNAELEPSVLDPR	24	1	1	AT1G37130.1			1426.71587	0	8.67929E-06			
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	31	1	1	AT1G37130.1	S3(Phospho)		2520.21840	0	3.0368E-05	61	0.8	S(1): 9.8; S(3): 78.9; T(11): 9.8; T(12): 1.4; T(15): 0.2
	TNVCKPHKGEIGIVFEHPTLPGNESGGWMA	4	1	1	AT1G37130.1	C4(Carbamidomethyl)		3390.65468	0	0.000153018			
	LMHHGFITPVPLHYVR	8	2	1	AT1G37130.1			1917.03225	0	0.000177467			
	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	22	1	1	AT1G37130.1	S10(Phospho)		2991.14060	0	3.88448E-08	104	0.9	S(9): 8.6; S(10): 91.4; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0
	SYKPPVPGRSDSPK	16	1	1	AT1G37130.1			1514.79242	0	0.000530138			
	LEPGLNGVVR	24	1	1	AT1G37130.1			1053.60515	0.000075	0.001339889			
	AKVPVQLVEK	20	1	1	AT1G37130.1			1110.68743	0.000078	0.001696178			
	KSNAELEPSVLDPR	20	1	1	AT1G37130.1			1554.81131	0.000384	0.003987589			
	IIIPGFIGGR	12	1	1	AT1G37130.1			1042.63957	0.000598	0.01828086			
	ESDNFYHFKDNR	4	1	1	AT1G37130.1			1571.68430	0.008258	0.2262767			
	HLEKSADAPPSLK	1	1	1	AT1G37130.1	S5(Phospho)		1472.71477			41	1.0	S(5): 100.0; S(11): 0.0
	FRFALPVEDMVLGLPVGK	4	1	1	AT1G37130.1			1988.11704					
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	23.52	1	6			6	113					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	24	1	1	AT1G21380.1			3006.61098	0	9.9824E-06			
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQS	36	1	1	AT1G21380.1			3664.68422	0	3.41707E-06			
	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	22	1	1	AT1G21380.1	S1(Phospho)		3471.63498	0	2.38227E-05	74	1.0	S(1): 99.3; T(8): 0.4; Y(12): 0.4; T(15): 0.0; T(25): 0.0
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQS	15	1	1	AT1G21380.1	Q14(Deamidated)		3665.69521	0	2.19058E-05			
	NLSLNPTASAAPVTPPK	4	1	1	AT1G21380.1			1677.91606	0	4.75142E-05			
	KDDKPEDILFK	4	1	1	AT1G21380.1			1347.71619	0.000076	0.00022758			
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	2	1	1	AT1G21380.1	N5(Deamidated)		3007.60764	0.000203	0.001799249			
	ILSLDTWQEAFGDSGGRFPQYYNAYNELR	6	1	1	AT1G21380.1	Q9(Deamidated); Q21(Deamidated)		3467.67661	0.008194	0.1922768			
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	32.26	2	13			14	274					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESK	36	1	1	AT1G07110.1			2374.10747	0	6.60342E-08			
	NSMPAAAGAVAAAAVADQMLGPK	48	1	1	AT1G07110.1			2112.06157	0	1.06264E-12			
	AASIWTSTLQR	20	1	1	AT1G07110.1			1233.65776	0	5.5442E-05			
	SVETLSPFQQK	20	1	1	AT1G07110.1			1263.65825	0	0.003618077			
	HLAIVLVGLPAR	24	1	1	AT1G07110.1			1258.79816	0	6.48838E-05			
	SLSASSFLIDTK	20	1	1	AT1G07110.1	S3(Phospho)		1348.63896	0	0.000365759	131	1.0	S(1): 0.2; S(3): 99.8; S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(11): 0.0
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYA	12	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)		4345.05246	0	9.78116E-07			
	NSMPAAAGAVAAAAVADQMLGPK	4	1	1	AT1G07110.1	N1(Deamidated)		2113.05132	0	1.57397E-05			
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYA	9	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl); N26(Deamidated); N35(Deamidated)		4346.03318	0	2.44221E-08			

	ESALMSELSFVVPPDHETLDFK	12	1	1	AT1G07110.1		2491.19510	0	8.68348E-05				
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYA	8	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl)	4344.02781	0	5.34432E-08				
	NRNTPCIVEEGENR	8	1	1	AT1G07110.1	C6(Carbamidomethyl)	1687.77573	0	0.001167093				
	NSEDSGVTVDGSPSAK	4	2	1	AT1G07110.1		1549.69402	0	0.000228486				
	LEPVIIELER	16	1	1	AT1G07110.1		1210.70293	0.000076	0.000583387				
	SLSASGSFRNDSTPK	12	1	1	AT1G07110.1		1553.74956	0.000378	0.005477569				
	IGGDSVISDSGKLYAK	20	1	1	AT1G07110.1		1609.84293	0.00051	0.0245796				
	SEKAASIWTSTLQRTNLTASSIVGFPK	1	1	1	AT1G07110.1	S1(Phospho); S21(Phospho)	3053.48581	0.377806	1	20	0.1	S(1): 75.5; S(6): 7.2; T(9): 8.5; S(10): 6.4; T(11): 6.4; T(15): 5.4; T(18): 50.6; S(20): 19.9; S(21): 19.9	
AT1G01100.1	60S acidic ribosomal protein family	90.18	2	3		5	86						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGG	60	1	1	AT1G01100.1		3302.63816	0	3.6592E-16				
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	16	1	1	AT1G01100.1		3458.74546	0	1.83681E-08				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	1	3	2	AT1G01100.1;ATSG47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	2798.33988	0	0.00000311				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	3	3	2	AT1G01100.1;ATSG47700.1	S9(Phospho)	2148.90166	0	4.97934E-05	168	1.0	S(9): 100.0	
	AAGVSIESYWPMLFAK	4	2	1	AT1G01100.1		1769.88896	0.000075	0.00035491				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGG	2	1	1	AT1G01100.1	N8(Deamidated)	3303.64780	0.000827	0.02130571				
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	76.11	1	2		5	50						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGG	40	1	1	AT5G47700.1		3373.68784	0	1.61808E-07				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	1	3	2	AT1G01100.1;ATSG47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	2798.33988	0	0.00000311				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	3	3	2	AT1G01100.1;ATSG47700.1	S9(Phospho)	2148.90166	0	4.97934E-05	168	1.0	S(9): 100.0	
	RNVTDLIMNVGAGGGGAPVAAAAPAAG	2	1	1	AT5G47700.1	N9(Deamidated)	3530.78537	0	0.001689415				
	NVTDLIMNVGAGGGGAPVAAAAPAAGG	3	1	1	AT5G47700.1	N8(Deamidated)	3374.68027	0	4.16914E-05				
	NVTDLIMNVGAGGGGAPVAAAAPAAGG	1	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)	3517.76841						
AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	4.73	1	1		3	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	HYSEDVGEVQASQEKPVSPK	1	1	1	AT4G27430.1	S18(Phospho)	2294.02988	0.000132	0.001286415	62	1.0	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(12): 0.0; S(18): 100.0	
	HYSEDVGEVQASQEKPVSPKKSVTFSETNMI	1	1	1	AT4G27430.1	Y2(Phospho); S3(Phospho); S12(Phospho); T28(Phospho)	4044.61744	0.307126	0.9501582	0	0.0	Y(2): 50.0; S(3): 50.0; S(12): 50.0; S(18): 50.0; S(22): 50.0; T(24): 50.0; S(26): 50.0; T(28): 50.0	
	IAEKSSGGSVSSSLASK	1	1	1	AT4G27430.1	S11(Phospho); S12(Phospho)	1754.76809	0.694782	1	10	0.1	S(5): 11.0; S(6): 11.0; S(9): 35.6; S(11): 35.6; S(12): 35.6; S(13): 35.6; S(16): 35.6	
AT4G31700.1	ribosomal protein S6	47.20	3	4		16	510						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GCIVSPDLSVLNLVIVK	72	4	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	C2(Carbamidomethyl)	1826.04448	0	1.47794E-07				
	ISQEVSGDALGEEFK	52	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1608.77275	0	2.72054E-07				
	KGENDLPGLTDTEKPR	40	2	1	AT4G31700.1		1769.90439	0	5.73528E-09				
	MKFNVANPTTGCQK	48	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	C12(Carbamidomethyl)	1595.76238	0	1.18771E-05				
	KLEIDDDQKLR	24	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1372.74167	0	3.00656E-06				
	MKFNVANPTTGCQKK	48	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	C12(Carbamidomethyl)	1723.85356	0	8.62605E-05				
	LVTPLTLQR	28	4	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1040.64519	0	0.000463202				
	MKFNVANPTTGCQKK	8	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	M1(Oxidation); C12(Carbamidomethyl)	1739.85440	0	8.56622E-06				
	GENDLPGLTDTEKPR	24	2	1	AT4G31700.1		1641.80710	0	0.000111127				
	ISQEVSGDALGEEFKGYVFK	56	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		2203.10208	0	3.39717E-05				
	LEIDDDQKLR	20	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1244.64786	0	0.000717851				
	GCIVSPDLSVLNLVIVKK	24	4	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	C2(Carbamidomethyl)	1954.14402	0	5.70953E-05				
	IQRLVTPLTLQR	24	4	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1437.88913	0	0.000334607				
	SRLSSAAAKPSVTA	12	2	1	AT4G31700.1		1345.73931	0	0.00031559				
	FNVANPTTGCQK	4	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1	C10(Carbamidomethyl)	1336.63066	0	0.000209741				
	QGFPMKQGVLTPGR	4	3	2	AT4G31700.1;ATSG10360.1		1515.80774	0.000094	0.001485161				
	LSSAAAKPSVTA	12	2	1	AT4G31700.1		1102.60649	0.000147	0.004560257				
	SRLSSAAAKPSVTA	10	2	1	AT4G31700.1	S4(Phospho)	1425.70757	0.000211	0.007099585	77	0.9	S(1): 0.8; S(4): 91.5; S(5): 7.7; S(11): 0.0; T(13): 0.0	
AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thali	69.73	1	14		15	304						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDDT	68	1	1	AT4G15545.1		3861.78440	0	1.09887E-06				
	LSYEQFGAFLGNVK	24	1	1	AT4G15545.1		1572.80559	0	8.23005E-07				
	EFEELQSHVESLEASLSDAFHK	32	1	1	AT4G15545.1		2532.18747	0	4.64579E-11				
	SRLSYEQFGAFLGNVK	28	1	1	AT4G15545.1		1815.93766	0	2.97965E-07				
	EKEFEELQSHVESLEASLSDAFHK	36	1	1	AT4G15545.1		2789.32338	0	0.000461455				
	KAEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	12	1	1	AT4G15545.1		2655.37734	0	6.39875E-09				
	SEIEEEEEEGSASAITGSR	9	1	1	AT4G15545.1	N-Term(Acetyl)	2051.88603	0	2.02605E-09				
	TLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDDT	21	1	1	AT4G15545.1	Q17(Deamidated)	3862.77505	0	0.000444946				
	EKEFEELQSHVESLEASLSDAFHK	1	1	1	AT4G15545.1	Q8(Deamidated)	2790.31728	0	0.000291467				
	KITSIALSTR	8	1	1	AT4G15545.1		1089.66155	0	0.00095799				
	EFEELQSHVESLEASLSDAFHK	1	1	1	AT4G15545.1	Q6(Deamidated)	2533.18888	0	1.92951E-08				
	SSISSEPGSQITAR	8	1	1	AT4G15545.1		1419.70671	0	0.000423158				
	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLSA	6	1	1	AT4G15545.1	Q38(Deamidated)	4475.18862	0.000237	0.006493597				
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVAR	1	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated)	2744.37334	0.000237	0.006792347				
	LTPPGSPPILSASGTPK	27	1	1	AT4G15545.1	S6(Phospho)	1699.86711	0.000591	0.04944334	46	1.0	T(2): 0.2; S(6): 99.5; S(11): 0.2; S(13): 0.1; T(15): 0.1	
	DVSKLEGFRK	12	1	1	AT4G15545.1		1178.64995	0.000875	0.02639054				
	LTPPGSPPILSASGTPK	8	1	1	AT4G15545.1		1619.89995	0.014747	0.3882658				
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARK	1	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated); Q19(Deamidated)	2873.46036	0.019124	0.3537241				
	KTLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDD	1	1	1	AT4G15545.1	Q8(Deamidated); N26(Deamidated); Q33(Deamidated)	3992.85349	0.217379	0.9757402				
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily prot	32.88	1	11		11	179						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AQGGSYGETFDDGAFDHVR	8	1	1	AT1G52000.1		2028.87064	0	5.70812E-06				
	IHVAVGGLGIEQIR	16	1	1	AT1G52000.1		1461.85407	0	0.000760082				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAVGNGETEKN/	8	1	1	AT1G52000.1		4917.21845	0	9.00723E-05				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAGGNGETEKN'	8	1	1	AT1G52000.1		4899.24970	0	0.00021038				
	TNPGASAGGNGETVSNIGDTESNAGGSK	4	1	1	AT1G52000.1	N16(Deamidated)	2550.13053	0	2.44093E-06				
	SIEVEYDGTSLK	8	1	1	AT1G52000.1		1340.66020	0	0.00036173				
	ETNPGASGIGNSDGSTGTSPEGTESNADGTI	20	1	1	AT1G52000.1		3453.49985	0	7.1173E-14				
	TNPGASAGGNGETVSNIGDTESNAGGSK	32	1	1	AT1G52000.1		2549.12700	0	2.87852E-08				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAVGNGETEK	16	1	1	AT1G52000.1		2489.14652	0	3.04154E-06				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAGGNGETEKN'	7	1	1	AT1G52000.1	N51(Deamidated)	4900.26411	0	0.000018544				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAVGNGETEKN/	9	1	1	AT1G52000.1	N15(Deamidated)	4918.22553	0	0.000488335				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAGGNGETEKN'	10	1	1	AT1G52000.1	N15(Deamidated); N23(Deamidated)	4901.25318	0	0.002138671				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAGGNGETEKN'	16	1	1	AT1G52000.1		3445.61074	0	3.6592E-16				
	ETNPGASGIGNSDGSTGTSPEGTESNADGTI	8	1	1	AT1G52000.1	N26(Deamidated)	3454.50986	0	6.2993E-14				
	ETEKNAGGSKPSSGSAGTNPGASAVGNGET	4	1	1	AT1G52000.1		2976.37319	0.000092	0.002186676				
	NAGGSKPSSGSAGTNPGASAGGNGETEKN'	4	1	1	AT1G52000.1	N23(Deamidated)	3446.61513	0.000355	0.003264303				
	SNDGANNGASGIESNAGGSTGTNFGAGGTG	1	1	1	AT1G52000.1	S1(Phospho); S10(Phospho); S14(Phospho); T34(Phospho); S36(Phospho); S41(Phospho)	4196.36547	0.000809	0.06307862			Too many isoforms	
AT1G79280.2	nuclear pore anchor	7.14	3	3		8	54						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SGTISSGSTDSDHLEDSGLQR	28	3	1	AT1G79280.2		2148.96109	0	7.94522E-05				
	YQTALTHLSEELEK	4	3	1	AT1G79280.2		1661.83701	0	0.001058966				
	SGTISSGSTDSDHLEDSGLQR	1	3	1	AT1G79280.2	Q20(Deamidated)	2149.96048	0.001133	0.01739684				
	IGSLQEDLSSCKDAATTTEEQYTAELFTANK	3	3	1	AT1G79280.2	S10(Phospho); C11(Carbamidomethyl); Y22(Phospho)	3581.51992	0.001977	0.07898613	11	0.1	S(3): 11.9; S(9): 39.4; S(10): 39.4; T(16): 18.2; T(17): 18.2; T(18): 18.2; Y(22): 18.2; T(23): 18.2; T(28): 18.2	

	NKTDEASAKVATVLK	12	3	1	AT1G79280.2		1574.86502	0.00308	0.08136444				
	SSDPKTLDMDSGGIVSLSDKEAALVIILDVVH	1	1	1	AT1G79280.2	S18(Phospho)	3532.80466	0.140969	1	14	0.6	S(1): 2.9; S(2): 2.9; T(6): 2.9; S(11): 8.2; S(16): 26.9; S(18): 56.3	
	TLDMDSGGIVSLSDKEAALVIILDVVHKIQAG	1	1	1	AT1G79280.2	T1(Phospho); S6(Phospho); S11(Phospho); S13(Phospho)	3930.81882	0.374333	1	8	1.0	T(1): 100.0; S(6): 100.0; S(11): 100.0; S(13): 100.0	
	DELSKQNQSLAK	1	3	1	AT1G79280.2	Q6(Deamidated); N7(Deamidated); Q8(Deamidated)	1363.66728	0.622155	1				
	VDNSGTSNMIEESQAVISK	3	3	1	AT1G79280.2	T6(Phospho)	2088.91811	0.689323	1	0	0.2	S(4): 37.4; T(6): 15.6; S(7): 15.6; S(13): 15.6; S(18): 15.6	
AT1G04820.1	tubulin alpha-4 chain	40.00	3	3		15	408						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TVGGGDDAFNTFFSETGAGK	36	3	1	AT1G04820.1		1977.88005	0	2.31169E-10				
	KLADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	36	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl)	3321.72617	0	5.79787E-09				
	TIQFVDWCPTGFK	28	4	2	AT1G64740.1;AT1G04820.1	C8(Carbamidomethyl)	1598.76921	0	0.000253999				
	AVFVDLEPTVIDEVR	52	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1		1701.90386	0	3.07908E-06				
	QLFHPEQLISGKEDAANNFAR	36	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		2385.19130	0	1.63408E-07				
	TVGGGDDAFNTFFSETGAGKHVPR	56	3	1	AT1G04820.1		2467.16201	0	4.98787E-05				
	AFHEQLSVAEITNSAFEPASMMAK	36	3	1	AT1G04820.1		2609.23569	0	7.97501E-06				
	CGINYQPPTVVPGGDLAK	28	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C1(Carbamidomethyl)	1885.94438	0	7.90205E-07				
	QLFHPEQLISGK	20	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		1396.75815	0	0.000230436				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	9	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated)	3194.62717	0	0.000823866				
	TGTYRQLFHPEQLISGKEDAANNFAR	12	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		2963.48012	0	3.32555E-07				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	20	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl)	3193.64463	0	6.17104E-06				
	IDHKFDLMYAK	20	3	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1		1380.69770	0	2.95362E-05				
	KLADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	6	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl); N16(Deamidated)	3322.72666	0	0.000137893				
	TGTYRQLFHPEQLISGKEDAANNFAR	4	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	Q6(Deamidated)	2964.48012	0.000196	0.01074244				
	TGTYRQLFHPEQLISGK	4	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		1975.03983	0.000352	0.01091258				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	1	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl); T6(Phospho)	4035.98403	0.003277	0.1142746	15	0.8	T(6): 83.5; T(21): 2.8; S(23): 2.8; S(27): 2.8; S(34): 4.0; Y(37): 4.0	
	EIVDLCLDR	4	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl)	1132.56536	0.003635	0.08268144				
AT5G19770.1	tubulin alpha-3	38.44	1	2		14	320						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KLADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	36	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl)	3321.72617	0	5.79787E-09				
	AVCMISNNTAVAEVFSR	4	2	2	AT1G64740.1;AT5G19770.1	C3(Carbamidomethyl)	1868.89617	0	8.50368E-06				
	AVFVDLEPTVIDEVR	52	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1		1701.90386	0	3.07908E-06				
	QLFHPEQLISGKEDAANNFAR	36	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		2385.19130	0	1.63408E-07				
	CGINYQPPTVVPGGDLAK	28	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C1(Carbamidomethyl)	1885.94438	0	7.90205E-07				
	AYHEQLSVPEITNAVFEPASMMAK	40	1	1	AT5G19770.1		2663.28385	0	1.5068E-06				
	QLFHPEQLISGK	20	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		1396.75815	0	0.000230436				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	9	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated)	3194.62717	0	0.000823866				
	TVQFVDWCPTGFK	20	1	1	AT5G19770.1	C8(Carbamidomethyl)	1584.74968	0	0.000159913				
	TGTYRQLFHPEQLISGKEDAANNFAR	12	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		2963.48012	0	3.32555E-07				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	20	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl)	3193.64463	0	6.17104E-06				
	IDHKFDLMYAK	20	3	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1		1380.69770	0	2.95362E-05				
	KLADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	6	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl); N16(Deamidated)	3322.72666	0	0.000137893				
	TGTYRQLFHPEQLISGKEDAANNFAR	4	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1	Q6(Deamidated)	2964.48012	0.000196	0.01074244				
	AYHEQLSVPEITNAVFEPASMMAK	4	1	1	AT5G19770.1	N13(Deamidated)	2664.28635	0.000209	0.004549451				
	TGTYRQLFHPEQLISGK	4	5	3	AT1G64740.1;AT1G04820.1;AT5G19770.1		1975.03983	0.000352	0.01091258				
	LADNCTGLQGFLVFNAVGGGTGSGLGSLLI	1	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C5(Carbamidomethyl); T6(Phospho)	4035.98403	0.003277	0.1142746	15	0.8	T(6): 83.5; T(21): 2.8; S(23): 2.8; S(27): 2.8; S(34): 4.0; Y(37): 4.0	
	EIVDLCLDR	4	4	2	AT1G04820.1;AT5G19770.1	C6(Carbamidomethyl)	1132.56536	0.003635	0.08268144				
AT3G51740.1	inflorescence meristem receptor-like kin	4.90	1	1		2	4						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TSEKTVSAGVAGTASAGGEMGGK	3	1	1	AT3G51740.1	T1(Phospho); S2(Phospho)	2212.91617	0.003485	0.09219831	4	0.0	T(1): 22.2; S(2): 22.2; T(5): 22.2; S(7): 22.2; T(13): 55.6; S(15): 55.6	
	LNLSFNSLSGPLPVSVAR	1	1	1	AT3G51740.1	S9(Phospho); S15(Phospho)	2030.97915	0.598942	1	6	0.4	S(4): 29.7; S(7): 43.6; S(9): 59.4; S(15): 67.3	
AT5G20340.1	beta-1,3-glucanase 5	2.26	1	1		1	1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SIDITKIR	1	1	1	AT5G20340.1	T5(Phospho)	1025.53972	0.02427	0.4538166	86	1.0	S(1): 0.0; T(5): 100.0	
AT5G35410.1	Protein kinase superfamily protein	11.43	1	1		3	8						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LYEVLASPSKIYIVLEFVTGGELFDRIVHK	6	1	1	AT5G35410.1	Y2(Phospho); T19(Phospho)	3595.81647	0.006992	0.1720166	1	0.1	Y(2): 38.3; S(7): 43.4; S(9): 38.7; Y(12): 42.0; T(19): 37.6	
	IMAKSTILK	1	1	1	AT5G35410.1		1004.61443	0.089842	0.989911				
	ATEGIPKSEILR	1	1	1	AT5G35410.1		1313.74198						
AT3G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	79.56	2	11		31	954						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	MDEANDSGLASYVAGQIDR	8	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	M1(Oxidation)	2027.89385	0	4.31762E-11				
	MDEANDSGLASYVAGQIDR	40	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		2011.90178	0	4.32616E-10				
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	72	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1718.96282	0	7.23212E-10				
	QLDYVPATISALEEVVK	68	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1875.01116	0	5.92723E-09				
	DIQWLQTITNMPILVK	52	2	1	AT3G14415.1		1913.05449	0	1.34804E-07				
	MVYDYYASGAEDQWTLQENR	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		2439.05889	0	7.83171E-09				
	AASAAGTIMTLSSWATSSVEEVASTGPGIR	84	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		2908.42948	0	3.72138E-09				
	DEFELTMALSGCR	24	8	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	C12(Carbamidomethyl)	1528.67656	0	1.12632E-07				
	AIALTVDTPR	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1056.60454	0	3.22117E-05				
	QLDYVPATISALEEVVKATQGR	20	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		2388.27976	0	9.53539E-06				
	NFEGLDLGK	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		992.50487	0	4.07073E-05				
	ILIDVNKIDMATTVLGFK	6	2	1	AT3G14415.1	M10(Oxidation)	2007.12156	0	4.51708E-07				
	ILIDVNKIDMATTVLGFK	36	2	1	AT3G14415.1		1991.12175	0	1.33219E-11				
	VPVFLDGGVR	24	2	1	AT3G14415.1		1058.59844	0	0.00044385				
	NHIVTEWDTPR	44	2	1	AT3G14415.1		1367.66680	0	0.001295844				
	NHIVTEWDTPRHLPR	24	2	1	AT3G14415.1		1870.96511	0	0.00049973				
	ESDIKNRFTLPPNLTLK	48	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1986.10123	0	0.002586339				
	MAHPDGEYATAR	56	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1318.58147	0	3.24273E-05				
	AGFKAIALTVDTPR	24	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1459.82353	0	0.000951431				
	MEITNVTEYDAIAK	9	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	N-Term(Acetyl)	1639.78752	0	3.30839E-07				
	DIQWLQTITNMPILVK	3	2	1	AT3G14415.1	N10(Deamidated)	1914.05205	0	0.000658598				
	MVYDYYASGAEDQWTLQENRNAFAR	4	5	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		2998.34452	0	8.76237E-05				
	DIQWLQTITNMPILVK	1	2	1	AT3G14415.1	M11(Oxidation)	1929.05120	0	5.08093E-07				
	NRKVVEQLVR	16	2	1	AT3G14415.1		1240.74771	0	0.001153786				
	TLSWKDIQWLQTITNMPILVK	12	2	1	AT3G14415.1		2528.38877	0	0.000753195				
	ATQGRVPVFLDGGVR	12	2	1	AT3G14415.1		1571.86356	0	9.35288E-06				
	GVLTGEDAR	4	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		917.46764	0	0.01573799				
	MEITNVTEYDAIAK	8	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1597.77446	0	3.6592E-16				
	FTLPPNLTLK	108	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1143.67681	0.000075	0.00165262				
	NHIVTEWDTPRHLPRL	4	2	1	AT3G14415.1		1984.05190	0.000076	0.000745039				
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	6	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q4(Deamidated)	1719.95450	0.000164	0.0042481				
	FFQLYVYK	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1107.58586	0.00021	0.005484307				
	ATQGRVPVFLDGGVRR	24	2	1	AT3G14415.1		1727.96592	0.000281	0.009691421				
	IDMATTVLGFK	4	2	1	AT3G14415.1		1195.64495	0.000378	0.002914342				
	QLDYVPATISALEEVVKATQGR	2	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q1(Deamidated)	2389.26834	0.000463	0.0100119				
	NRFTLPPNLTLK	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1		1413.82001	0.001285	0.03465937				

	ILFRPR	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			801.50908	0.001876	0.04045129			
	MEITNVTEYDAIAK	2	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	T7(Phospho)		1677.73386	0.007086	0.1930341	32	0.8	T(4): 11.3; T(7): 77.3; Y(9): 11.3
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	1	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q4(Deamidated); N14(Deamidated)		1720.94583	0.050321	0.6452459			
	VPVFLDGGVRR	8	2	1	AT3G14415.1			1214.70096					
AT3G14420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	84.47	7	15		34		1040					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	MDEANDSGLASYVAGQIDR	8	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	M1(Oxidation)		2027.89385	0	4.31762E-11			
	MDEANDSGLASYVAGQIDR	40	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			2011.90178	0	4.32616E-10			
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	72	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1718.96282	0	7.23212E-10			
	QLDYVPATISALEEVVK	68	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1875.01116	0	5.92723E-09			
	MVYDYYASGAEDQWTLQENR	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			2439.05889	0	7.83171E-09			
	AASAAGTIMTLSSWATSSVEEVASTGPGIR	84	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			2908.42948	0	3.72138E-09			
	ILIDVSKIDMTTTVLGFK	28	5	1	AT3G14420.1			1994.12491	0	1.90624E-07			
	DEFELTMALSGCR	24	8	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	C12(Carbamidomethyl)		1528.67656	0	1.12632E-07			
	AIALTVDTPR	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1056.60454	0	3.22117E-05			
	TLSWKDVQWLQTITKLPILVK	48	5	1	AT3G14420.1			2510.47739	0	7.0395E-05			
	QLDYVPATISALEEVVKATQGRIPVFLDGGVI	12	5	1	AT3G14420.1			3441.87075	0	4.1803E-05			
	QLDYVPATISALEEVVKATQGR	20	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			2388.27976	0	9.53539E-06			
	NFEGLDLGK	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			992.50487	0	4.07073E-05			
	IDMTTTVLGFK	8	5	1	AT3G14420.1			1225.65093	0	0.000566872			
	ATQGRIPVFLDGGVR	32	5	1	AT3G14420.1			1585.87973	0	1.16979E-05			
	DVQWLQTITKLPILVK	80	5	1	AT3G14420.1			1895.13909	0	7.13848E-05			
	NVVEQLVR	24	5	1	AT3G14420.1			956.55284	0	0.000400807			
	IPVFLDGGVR	24	7	1	AT3G14420.1			1072.61492	0	0.01491666			
	NRNVVEQLVR	16	5	1	AT3G14420.1			1226.69463	0	0.000258175			
	ISMPIMVAPTAMQK	5	5	1	AT3G14420.1	M12(Oxidation)		1533.78288	0	0.00037134			
	NHITTEWDTPRPSAR	36	5	1	AT3G14420.1			1780.87076	0	0.000133963			
	ESDIKNRFTLPPNLTLK	48	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1986.10123	0	0.002586339			
	MAHPDGEYATAR	56	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1318.58147	0	3.24273E-05			
	AGFKAIALTVDTPR	24	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1459.82353	0	0.000951431			
	MEITNVTEYDAIAK	9	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	N-Term(Acetyl)		1639.78752	0	3.30839E-07			
	MVYDYYASGAEDQWTLQENRNAFAR	4	5	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			2998.34452	0	8.76237E-05			
	GVLTGEDAR	4	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			917.46764	0	0.01573799			
	MEITNVTEYDAIAK	8	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1597.77446	0	3.6592E-16			
	TLSWKDVQWLQTITKLPILVK	2	5	1	AT3G14420.1	Q11(Deamidated)		2511.47451	0	0.000885184			
	QLDYVPATISALEEVVKATQGRIPVFLDGGVI	2	5	1	AT3G14420.1	Q20(Deamidated)		3442.87441	0	0.000615733			
	FTLPPNLTLK	108	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1143.67681	0.000075	0.00165262			
	MEITNVTEYDAIAKQKLPK	5	2	1	AT3G14420.1	N-Term(Acetyl)		2234.17215	0.000075	0.001596486			
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	6	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q4(Deamidated)		1719.95450	0.000164	0.0042481			
	FFQLYVYK	24	9	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1107.58586	0.00021	0.005484307			
	IPVFLDGGVRR	24	7	1	AT3G14420.1			1228.71585	0.000428	0.0145504			
	QLDYVPATISALEEVVKATQGR	2	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q1(Deamidated)		2389.26834	0.000463	0.0100119			
	DVQWLQTITKLPILVK	2	5	1	AT3G14420.1	Q6(Deamidated)		1896.13140	0.000585	0.01054147			
	NRFTLPPNLTLK	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			1413.82001	0.001285	0.03465937			
	ILFRPR	8	7	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1			801.50908	0.001876	0.04045129			
	DVQWLQTITK	4	5	1	AT3G14420.1			1231.66765	0.003188	0.08540057			
	ATQGRIPVFLDGGVRR	4	5	1	AT3G14420.1			1741.97934	0.003444	0.1077774			
	MEITNVTEYDAIAK	2	4	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	T7(Phospho)		1677.73386	0.007086	0.1930341	32	0.8	T(4): 11.3; T(7): 77.3; Y(9): 11.3
	IAIQAGAAGIIVSNHGAR	1	6	2	AT3G14415.1;AT3G14420.1	Q4(Deamidated); N14(Deamidated)		1720.94583	0.050321	0.6452459			
AT4G34190.1	stress enhanced protein 1	21.92	1	1		1		9					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ALSQVSASLAFSLPNSGALKLATITNPTSTCR	9	1	1	AT4G34190.1	T30(Phospho); C31(Carbamidomethyl)		3356.70371	0.008362	0.1933621	2	0.1	S(3): 7.4; S(6): 7.4; S(8): 7.4; S(12): 7.4; S(16): 11.7; T(23): 11.7; T(25): 11.7; T(28): 11.7; S(29): 11.7; T(30): 11.7
AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	32.23	1	3		3		40					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IMNPNDPEYNSDSQSQAPPHPPSSR	28	1	1	AT3G25070.1			2765.21738	0	3.6592E-16			
	FGDWDENNPSSADGYTHIFNK	4	1	1	AT3G25070.1			2414.02549	0	7.78179E-06			
	IMNPNDPEYNSDSQSQAPPHPPSSR	5	1	1	AT3G25070.1	Q16(Deamidated)		2766.19095	0	4.53866E-05			
	SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	3	1	1	AT3G25070.1	S13(Phospho)		2528.31899	0.008957	0.2612401	23	0.1	S(1): 0.3; T(6): 1.6; S(13): 10.5; T(18): 87.5
AT1G09830.1	Glycinamide ribonucleotide (GAR) synthe	4.51	1	1		1		1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VGDGDTGPNTGGMGAYSPAPVLTK	1	1	1	AT1G09830.1	T6(Phospho); T23(Phospho)		2421.98672	0.00936	0.2115442	16	0.5	T(6): 58.7; T(10): 27.1; Y(16): 16.4; S(17): 14.9; T(23): 83.0
AT5G56500.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	34.67	1	1		16		395					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LSGGVAVIQVGAQTETELK	60	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1900.03313	0	1.14565E-07			
	AAVEEGIVVGGGCTLLR	64	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1	C13(Carbamidomethyl)		1700.89934	0	3.31339E-07			
	LADLVGVTLGPK	24	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1182.70976	0	1.93237E-06			
	VVAAGANPVLITR	24	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1280.76665	0	4.27328E-07			
	YEDLMAAGIIDPTK	28	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1536.76201	0	1.7146E-07			
	EVELEDPVENIGAK	28	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1541.76836	0	5.48974E-05			
	YEDLMAAGIIDPTKVVR	28	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1890.99845	0	2.23013E-06			
	IVNDGVTVAR	20	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1043.58306	0	3.78788E-05			
	NAGVNGSVVSEK	20	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1160.58708	0	0.001006062			
	LRVEDALNATK	24	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1229.68439	0	6.8928E-07			
	YEDLMAAGIIDPTKVVR	5	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1	M5(Oxidation)		1906.99308	0	7.47877E-07			
	GYISPYFVTDSEK	4	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1505.71282	0	0.000646723			
	VGRKGVVTLEEGK	28	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1371.79346	0	9.94511E-06			
	TFLMSDCVVVEIK	12	2	2	AT1G55490.1;AT5G56500.1	C7(Carbamidomethyl)		1540.77556	0	0.000285517			
	ALSYPLKLIAK	16	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			1216.76667	0	0.000963225			
	IAKLSGGVAVIQVGAQTETELK	4	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1			2212.25187	0.000227	0.005005201			
	LSGGVAVIQVGAQTETELK	2	3	3	AT1G55490.1;AT3G13470.1;AT5G56500.1	Q9(Deamidated); Q13(Deamidated)		1901.99700	0.00057	0.0148			
	TNDLAGDGTTTSVVLAQGLIAEGVKVVAAG.	4	1	1	AT5G56500.1	T1(Phospho); T9(Phospho); T37(Phospho)		4359.17188	0.010409	0.224194	8	0.1	T(1): 43.3; T(9): 43.3; T(10): 43.3; T(11): 43.3; S(12): 43.3; T(37): 83.6
AT2G45420.1	LOB domain-containing protein 18	16.79	1	1		1		6					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SGGGNTITAVGGGGGGCGGGGSSGGGGSS	6	1	1	AT2G45420.1	C17(Carbamidomethyl); S22(Phospho); S23(Phospho); C37(Carbamidomethyl); C40(Carbamidomethyl)		3774.46653	0.010506	0.2593915	1	0.0	S(1): 26.1; T(6): 26.1; T(8): 26.1; S(22): 26.1; S(23): 26.1; S(28): 34.9; S(29): 34.9
AT4G14700.1	origin recognition complex 1	3.09	1	1		1		8					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	KSYLSPSSTSLTPPQTPETLTPLRR	8	1	1	AT4G14700.1	S5(Phospho)		2837.45300	0.010815	0.240429	0	0.1	S(2): 9.1; Y(3): 9.1; S(5): 9.1; S(7): 9.1; S(8): 9.1; T(9): 9.1; S(10): 9.1; T(12): 9.1; T(16): 9.1; T(19): 9.1; T(21): 9.1
AT1G23760.1	BURP domain-containing protein	8.84	1	1		2		3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	FNSYGTSATGGSGDFKNYQSGVNNPTTRFK	2	1	1	AT1G23760.1	Y4(Phospho); T9(Phospho); S12(Phospho); Y18(Phospho)		3522.34510	0.011237	0.2903524			Too many isoforms
	FSVYDQRNFTNYGTIHPGGADSFKK	1	1	1	AT1G23760.1	T10(Phospho); Y12(Phospho); T14(Phospho)		3089.26308			3	0.1	S(2): 53.0; Y(4): 53.0; T(10): 53.0; Y(12): 53.0; T(14): 53.0; S(22): 35.0
AT5G56740.1	histone acetyltransferase of the GNAT fa	2.78	1	1		1		1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LSQILVLPSFQGK	1	1	1	AT5G56740.1	S9(Phospho)		1509.80133	0.011279	0.2471017	30	1.0	S(2): 0.4; S(9): 99.6
AT4G25530.1	FLOWERING WAGENINGEN	5.25	1	1		1		12					

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	IVNNGMLVLQEIWNDASGAMVVYAPVETN	12	1	1	AT4G25530.1	T28(Phospho); S30(Phospho)	4132.96286	0.011505	0.2777938	3	0.2	S(17): 53.4; Y(23): 53.4; T(28): 46.6; S(30): 46.6
AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family protein	4.82	1	1		2	2					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LTIDEKISQLVNTAPGIPR	1	1	1	AT1G78060.1	S8(Phospho)	2145.12880	0.012504	0.347871	12	0.6	T(2): 21.6; S(8): 56.7; T(13): 21.6
	KVSETDIDRALLNLFSVR	1	1	1	AT1G78060.1	S16(Phospho)	2156.12197			23	1.0	S(3): 0.9; T(5): 0.9; S(16): 98.1
AT4G24280.1	chloroplast heat shock protein 70-1	57.52	1	15		43	1247					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SEVFSTAADGQTSVEINVLQGER	36	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		2437.17583	0	1.42949E-12			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPK	76	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		2535.29717	0	2.2816E-10			
	IINEPTAASLAYGFDR	28	1	1	AT4G24280.1		1737.87590	0	1.95965E-11			
	DAIDTKNQADSVVYQTEK	52	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		2024.97466	0	1.99289E-08			
	NQADSVVYQTEK	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1381.65691	0	3.62842E-06			
	FDIDANGILSVSAVDKGTGK	36	1	1	AT4G24280.1		2007.03533	0	1.04576E-10			
	QFAAEEISAQVLR	32	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1461.76946	0	1.28027E-08			
	KQDITITGASTLPK	48	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1472.83232	0	0.002137254			
	QAVVNPENTTFSVKR	68	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1735.91814	0	2.85784E-05			
	DEVDQMVQEAER	24	1	1	AT4G24280.1		1448.63030	0	5.78682E-05			
	QDITITGASTLPK	20	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1344.73516	0	4.19358E-06			
	VVGIDLGTTNSAVAAMEGGKPTIVTNAEGQ	8	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		3056.56876	0	3.72196E-06			
	DAMAALNQEVMQIGQSLYNQPGAGGPGA	12	1	1	AT4G24280.1		4319.94399	0	3.68254E-05			
	QFAAEEISAQVLRK	60	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1589.86443	0	1.21203E-05			
	AKFEELCSDLLDR	48	1	1	AT4G24280.1	C7(Carbamidomethyl)	1595.77214	0	1.00625E-05			
	FEELCSDLLDR	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	C5(Carbamidomethyl)	1396.64165	0	0.000120993			
	LECPAINKQFAAEEISAQVLRK	48	1	1	AT4G24280.1	C3(Carbamidomethyl)	2515.33683	0	1.6333E-08			
	IAGLEVLR	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		870.54039	0	0.000453679			
	IPAVQELVR	24	1	1	AT4G24280.1		1024.61443	0	0.000332073			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPKHIETTLTR	48	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		3486.81919	0	5.56077E-08			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPK	10	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	M11(Oxidation)	2551.29178	0	1.23686E-06			
	AVITVPAYFNDSQR	48	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1580.80606	0	6.80656E-07			
	LECPAINKQFAAEEISAQVLR	36	1	1	AT4G24280.1	C3(Carbamidomethyl)	2387.23771	0	3.6592E-16			
	RQAVVNPENTTFSVKR	20	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1892.01725	0	0.001418906			
	LSFKDIDEVILVGGSTRIPAVQELVR	48	1	1	AT4G24280.1		2854.59731	0	6.99193E-07			
	VVDWLAAEFKK	20	1	1	AT4G24280.1		1305.72049	0	0.000107921			
	QAVVNPENTTFSVK	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1579.81047	0	3.28178E-06			
	GTGKKQDITITGASTLPK	28	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1816.01364	0	0.000175865			
	DIDEVILVGGSTR	40	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1373.72734	0	2.76403E-06			
	LSFKDIDEVILVGGSTR	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1849.00559	0	5.85764E-05			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPKHIETTLTR	6	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	N10(Deamidated)	3487.81606	0	3.25972E-05			
	VVGIDLGTTNSAVAAMEGGKPTIVTNAEGQ	4	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	M16(Oxidation)	3072.56943	0	8.29084E-11			
	DEVDQMVQEAER	3	1	1	AT4G24280.1	M6(Oxidation)	1464.62468	0	9.34244E-06			
	AKIELSSLTQTNMSLPFITATADGPKHIETTLT	8	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		3685.94130	0	0.000120757			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPK	2	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	N10(Deamidated)	2536.28263	0	1.45348E-06			
	SGDRLVGQIAKR	16	1	1	AT4G24280.1		1299.74759	0	0.000216671			
	RQAVVNPENTTFSVK	12	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1735.91251	0	0.007182008			
	DAMAALNQEVMQIGQSLYNQPGAGGPGA	30	1	1	AT4G24280.1	Q8(Deamidated); Q20(Deamidated)	4321.93862	0	1.55829E-08			
	IELSSLTQTNMSLPFITATADGPKHIETTLTR	1	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	Q8(Deamidated); N10(Deamidated)	3488.80337	0	0.002314678			
	DAIDTKNQADSVVYQTEKQLK	4	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		2394.21238	0	1.22544E-06			
	DAMAALNQEVMQIGQSLYNQPGAGGPGA	12	1	1	AT4G24280.1	N19(Deamidated)	4320.93418	0	8.15489E-10			
	DAMAALNQEVMQIGQSLYNQPGAGGPGA	6	1	1	AT4G24280.1	N7(Deamidated); Q8(Deamidated); Q12(Deamidated)	4322.91225	0	0.00013194			
	LECPAINKQFAAEEISAQVLR	3	1	1	AT4G24280.1	C3(Carbamidomethyl); N7(Deamidated)	2388.23783	0	8.47516E-06			
	ELGEKIPGEVK	40	1	1	AT4G24280.1		1198.66742	0.000075	0.001423573			
	ELGEKIPGEVKEK	12	1	1	AT4G24280.1		1455.80289	0.000075	0.000465458			
	DEGIDLLK	24	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		902.48320	0.000078	0.001324164			
	VRTPVENSLR	8	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		1170.65764	0.000302	0.006984231			
	LVGQIAKR	4	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		884.56670	0.000644	0.009896501			
	LSFKDIDEVILVGGSTRIPAVQELVR	1	1	1	AT4G24280.1	Q22(Deamidated)	2855.59677	0.000954	0.02133171			
	IINEPTAASLAYGFDRK	4	1	1	AT4G24280.1		1865.97617	0.001647	0.03651569			
	HIETTLTR	4	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1		970.52910	0.004323	0.1138896			
	GVPQIEVKFDIDANGILSVSAVDKGTGK	2	1	1	AT4G24280.1	T26(Phospho)	2937.49453	0.013234	0.3108542	6	0.2	S(18): 57.5; S(20): 21.2; T(26): 21.2
	SAFFGTRTGPFSTPTSAFLR	1	1	1	AT4G24280.1	T13(Phospho)	2228.04911	0.410037	1	21	0.0	S(1): 0.0; T(6): 0.0; T(8): 0.0; S(12): 0.3; T(13): 1.1; T(15): 16.9; S(16): 81.6
	SLGSFRLDGIPPAPR	1	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	S4(Phospho)	1662.84011	0.634041	1	7	0.3	S(1): 69.0; S(4): 31.0
	KQDITITGASTLPK	1	2	2	AT4G24280.1;ATSG49910.1	Q2(Deamidated)	1473.82276					
AT4G39690.1	FUNCTIONS IN: molecular_function unkr	21.54	1	6		8	69					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	DSILGLVLSSLPEEAR	20	1	1	AT4G39690.1		1698.92949	0	3.6592E-16			
	LEEAHHLNVPSGVEDSTEKDGK	12	1	1	AT4G39690.1		2391.13979	0	8.21025E-06			
	LEEAHHLNVPSGVEDSTEK	17	1	1	AT4G39690.1		2091.00217	0	0.001225405			
	AEINLPISASEDSGAKPDMPSEIISEAESVK	3	1	1	AT4G39690.1	N4(Deamidated)	3215.55539	0	2.98227E-09			
	AEINLPISASEDSGAKPDMPSEIISEAESVK	8	1	1	AT4G39690.1		3214.57138	0	6.70015E-07			
	LAEAAATLEEGVKGSK	1	1	1	AT4G39690.1		1573.83414	0.000196	0.008077321			
	GTLRHFSLIPPGGGGILAHSLAHVASSLK	6	1	1	AT4G39690.1	S7(Phospho); S26(Phospho)	3053.53132	0.013502	0.2807789	2	0.1	T(2): 46.1; S(7): 46.1; S(20): 34.1; S(26): 36.9; S(27): 36.9
	HFSLIPPGGGGILAHSLAHVASSLKFK	1	1	1	AT4G39690.1	S16(Phospho)	2821.50648	0.304034	1	2	0.2	S(3): 56.8; S(16): 20.2; S(22): 11.5; S(23): 11.5
	AAQIEKMAEADLNIKALSMAFYAR	1	1	1	AT4G39690.1	Q3(Deamidated)	2656.34598					
AT3G12345.1	unknown protein; LOCATED IN: chloropl	15.05	1	1		1	2					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	GSSGSPSKGTGIYLPPVSLKEAVSGGLK	2	1	1	AT3G12345.1	Y13(Phospho)	2753.42044	0.014871	0.3066794	6	0.1	S(2): 7.0; S(3): 7.0; S(5): 15.7; S(7): 41.3; T(10): 15.7; Y(13): 7.0; S(18): 2.5; S(24): 3.8
AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydroge	4.15	1	1		1	1					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	NAALATTTATTPVLRR	1	1	1	AT1G23740.1	T8(Phospho)	1736.90842	0.015443	0.4098554	40	0.6	T(6): 12.5; T(7): 12.5; T(8): 59.5; T(10): 12.5; T(11): 3.0
AT1G31730.1	Adaptin family protein	16.95	1	6		8	128					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	QMGVNPTSQNPTLFK	24	1	1	AT1G31730.1		1661.83098	0	6.33808E-07			
	WGRPSYQSTTAASSTTPQAANGISTHSDAG	28	1	1	AT1G31730.1		3892.86147	0	8.21793E-09			
	WGRPSYQSTTAASSTTPQAANGISTHSDAG	9	1	1	AT1G31730.1	Q18(Deamidated)	3893.83710	0	2.78878E-05			
	FEAYELPKPSVPPQASNELVPVPEPSYYSESH	8	1	1	AT1G31730.1		4785.34292	0	0.000100996			
	FEAYELPKPSVPPQASNELVPVPEPSYYSESH	6	1	1	AT1G31730.1	Q14(Deamidated); Q33(Deamidated)	4787.35708	0	0.000339898			
	FEAYELPKPSVPPQASNELVPVPEPSYYSESH	3	1	1	AT1G31730.1	Q33(Deamidated)	4786.35171	0	0.000868657			
	IVLSEVDILK	8	1	1	AT1G31730.1		1128.68767	0.000075	0.001120613			
	SGMFETTDYHPQDHHEVPTHALR	4	1	1	AT1G31730.1		2705.20937	0.000075	0.000196522			
	EFLDLVK	20	1	1	AT1G31730.1		863.48668	0.000992	0.02657334			
	WGRPSYQSTTAASSTTPQAANGISTHSDAG	1	1	1	AT1G31730.1	S5(Phospho); Y6(Phospho); S8(Phospho); T16(Phospho); S24(Phospho); T25(Phospho); S27(Phospho); S33(	4772.46849	0.017271	0.3486153			Too many isoforms
	SSSGGHKPAKGTANKTATVPK	5	1	1	AT1G31730.1	S3(Phospho)	2104.06171	0.674358	1	0	0.0	S(1): 2.0; S(2): 2.0; S(3): 2.0; T(12): 2.0; T(16): 15.0; T(18): 77.0
	RSSSGGHKPAK	12	1	1	AT1G31730.1		1111.59880					
AT4G21210.1	PPDK regulatory protein	57.07	3	17		17	428					

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	TDVSTLDSDVSSSSNGVSEADMTAAK	60	2	1	AT4G21210.1		2574.13066	0	2.51925E-08			
	GCPVNTHLFSGIEDGEK	16	2	1	AT4G21210.1	C2(Carbamidomethyl)	1859.85149	0	4.40458E-08			
	LDSTITNGSNNTTGPMRPIESSSR	5	2	1	AT4G21210.1	M16(Oxidation)	2551.20114	0	9.41584E-08			
	EGAMVIYTLADPSMAEATMR	16	2	1	AT4G21210.1		2156.99346	0	3.90866E-09			
	ADIVLVGVSR	28	3	1	AT4G21210.1		1028.60991	0	7.14037E-05			
	IPSLDILGPITESISSHLGTNPSGLSR	100	2	1	AT4G21210.1		2761.47141	0	2.51238E-08			
	LDSTITNGSNNTTGPMRPIESSSR	32	2	1	AT4G21210.1		2535.20871	0	3.18129E-08			
	KVFGLMINPLVLQGIR	24	1	1	AT4G21210.1		1798.07645	0	1.38565E-06			
	TLFEIDPR	24	1	1	AT4G21210.1		990.52629	0	0.001322112			
	IEAIEFTIK	24	3	1	AT4G21210.1		1063.60356	0	0.000953994			
	TGKTPLSTYLAQK	20	3	1	AT4G21210.1		1407.78229	0	1.92443E-05			
	TDVSTLDSDVSSSSNGVSEADMTAAK	1	2	1	AT4G21210.1	M22(Oxidation)	2590.12700	0	5.92363E-12			
	GITNSSLNEDYFK	16	2	1	AT4G21210.1		1487.69914	0	2.89794E-05			
	VSNVPIVNGVDLPK	16	1	1	AT4G21210.1		1450.83220	0	7.82768E-05			
	KVFGLMINPLVLQGIR	5	1	1	AT4G21210.1	M6(Oxidation)	1814.06870	0	1.34432E-08			
	GYKVSNVPIVNGVDLPK	16	1	1	AT4G21210.1		1799.00827	0	0.00187056			
	AKSLGLGSSFK	12	2	1	AT4G21210.1		1094.61955	0	0.000630479			
	GITNSSLNEDYFKR	8	2	1	AT4G21210.1		1643.79326	0	8.51596E-06			
	IEAIEFTIKHDDGALPENLEK	4	2	1	AT4G21210.1		2382.21670	0	0.000580533			
	ACKLWKIPSLDILGPITESISSHLGTNPSGLSR	1	2	1	AT4G21210.1	C2(Carbamidomethyl); S9(Phospho); S32(Phospho)	3707.83063	0.018264	0.3720524	6	0.1	S(9): 31.0; T(17): 31.0; S(19): 19.0; S(21): 19.0; S(22): 19.0; T(26): 19.0; S(29): 31.0; S(32): 31.0
AT3G06510.1	Glycosyl hydrolase superfamily protein	6.11	2	2		2	8					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	TLIJWPLIMK	4	2	1	AT3G06510.1		1227.75322	0.000703	0.01794201			
	MELFALLIKVAGLLATVTVGANVVSYSR	4	2	1	AT3G06510.1	S27(Phospho)	3015.63886	0.018763	0.3697209	3	0.2	T(16): 20.0; T(18): 20.0; S(25): 20.0; Y(26): 20.0; S(27): 20.0
AT2G26890.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-cor	3.29	1	2		3	10					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LTGLCADESLTPYNATAADVLKALLTPK	7	1	1	AT2G26890.1	T2(Phospho); C5(Carbamidomethyl); T16(Phospho)	3106.49366	0.019559	0.4950462	0	0.0	T(2): 21.7; S(9): 35.7; T(11): 35.7; Y(13): 35.7; T(16): 35.7; T(26): 35.7
	RETMSSGEVKAEEIGSDGVNESTDPSSLPGQ	1	1	1	AT2G26890.1	S22(Phospho); T23(Phospho); S26(Phospho)	4044.64004	0.030972	0.5528939	17	0.1	T(3): 4.2; S(5): 4.2; S(6): 5.5; S(16): 8.8; S(22): 55.5; T(23): 55.5; S(26): 55.5; S(27): 55.5; T(32): 55.5
	IDNYEVVIVRPLSSVSSLVR	2	1	1	AT2G26890.1	S14(Phospho)	2325.23014	0.289193	1	16	0.1	Y(4): 64.5; S(13): 8.9; S(14): 8.9; S(16): 8.9; S(17): 8.9
ATMG00285.1	NADH dehydrogenase 2A	2.20	1	1		1	7					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	KSEFSTEAGSK	7	1	1	ATMG00285.1	T6(Phospho)	1250.52216	0.019997	0.3953452	6	0.3	S(2): 8.4; S(5): 30.5; T(6): 30.5; S(10): 30.5
AT5G22330.1	P-loop containing nucleoside triphospha	11.79	1	2		2	17					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	EAAGLVVDMIK	16	1	1	AT5G22330.1		1145.62432	0.000075	0.000350347			
	ALLLAGPPGTGKTALALGISQELGSKVPFCPM	1	1	1	AT5G22330.1	T10(Phospho); C30(Carbamidomethyl); S35(Phospho); S39(Phospho); S40(Phospho)	4679.16355	0.023714	0.438322	2	0.0	T(10): 50.0; T(13): 50.0; S(20): 50.0; S(25): 50.0; S(35): 50.0; Y(38): 50.0; S(39): 50.0; S(40): 50.0
AT5G52790.1	CBS domain-containing protein with a dc	3.20	1	1		1	2					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LLDLLLGKRHSTLLGR	2	1	1	AT5G52790.1	T12(Phospho)	1885.07854	0.023892	0.3993647	51	1.0	S(11): 1.7; T(12): 98.3
AT4G17890.2	ARF-GAP domain 8	15.63	2	2		2	45					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	FEYNDDLQSGGQSVGGTQVLNHVAPPK	44	2	1	AT4G17890.2		2857.36521	0	4.65524E-06			
	AIAEETNSGLLSSPVATSQLPEVSNGVSSYSVI	1	2	1	AT4G17890.2	T6(Phospho); S8(Phospho); S12(Phospho)	3561.56904	0.025019	0.4041207	2	0.0	T(6): 25.5; S(8): 25.5; S(12): 25.5; S(13): 25.5; T(17): 24.5; S(18): 24.5; S(24): 29.0; S(28): 30.0; S(29): 30.0; Y(30): 30.0; S(31): 30.0
AT4G13150.1	unknown protein; Has 83 Blast hits to 82	8.65	1	1		1	3					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	VSGKGVPFIVKLGLGLGLAMIITVISVALK	3	1	1	AT4G13150.1	S2(Phospho); T23(Phospho); S26(Phospho)	3233.74770	0.028907	0.5844819	19	1.0	S(2): 100.0; T(23): 100.0; S(26): 100.0
AT2G04270.1	RNAse E/G-like	3.01	2	1		1	5					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LPQFSVSSRASWLVSSGFPLSSYMFSHVER	5	2	1	AT2G04270.1	S22(Phospho); S26(Phospho)	3548.61252	0.028777	0.6618513	19	0.1	S(5): 2.0; S(7): 2.0; S(8): 2.0; S(11): 2.7; S(15): 4.7; S(16): 12.7; S(21): 43.5; S(22): 43.5; Y(23): 43.5; S(26): 43.5
AT5G06370.1	NC domain-containing protein-related	8.88	1	1		1	3					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	RLSSGLFQVLDPPLAAIALPSTS	3	1	1	AT5G06370.1	S3(Phospho); S4(Phospho); S23(Phospho)	2593.21499	0.028907	0.5822281	3	0.2	S(3): 69.0; S(4): 69.0; S(21): 54.0; T(22): 54.0; S(23): 54.0
AT1G06950.1	translocon at the inner envelope membr	35.73	1	23		26	329					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	MANAIETAVNQGR	4	1	1	AT1G06950.1	M1(Oxidation)	1390.67204	0	1.8154E-09			
	MANAIETAVNQGR	32	1	1	AT1G06950.1		1374.67717	0	4.53462E-09			
	LSNSLVQAVALLR	24	1	1	AT1G06950.1		1383.83147	0	4.36676E-07			
	LQYLLGIDDSTATALR	8	1	1	AT1G06950.1		1749.93486	0	2.10296E-09			
	GVGPISLIGDESDFER	28	1	1	AT1G06950.1		1690.82659	0	1.23919E-08			
	VVVENISSALSILK	8	1	1	AT1G06950.1		1471.87444	0	2.23288E-05			
	LATSAVVLAASLATGYGLGLR	40	1	1	AT1G06950.1		2004.14481	0	5.28627E-10			
	DAISSGVDGYDAETR	32	1	1	AT1G06950.1		1555.68462	0	1.39749E-06			
	YGVNKGDEAFQAEICDIYCR	12	1	1	AT1G06950.1	C15(Carbamiidomethyl); C19(Carbamidomethyl)	2408.06321	0	6.118E-08			
	EAEAISVDVTSK	12	1	1	AT1G06950.1		1248.63103	0	4.94939E-05			
	KRLANAVSSGDLEAQDSK	24	1	1	AT1G06950.1		1888.96964	0	5.15358E-05			
	VLEFNNLLVSLK	4	1	1	AT1G06950.1		1388.81499	0	0.001124626			
	ELTGLQPIVEK	24	1	1	AT1G06950.1		1226.69853	0	0.000454799			
	LCEELHFDAQK	12	1	1	AT1G06950.1	C2(Carbamidomethyl)	1389.64707	0	0.001061032			
	AYVTDALSGGR	12	1	1	AT1G06950.1		1109.55535	0	0.000260775			
	LANAVSSGDLEAQDSK	8	1	1	AT1G06950.1		1604.77654	0	8.36624E-06			
	SLASVVEELEK	4	1	1	AT1G06950.1		1203.64629	0	0.00071526			
	MIAFNTLVVTEMVADIKGESSDKAPEEDPVQ	4	1	1	AT1G06950.1	Q31(Deamidated)	3621.76137	0	0.000660208			
	YGVNKGDEAFQAEICDIYCR	2	1	1	AT1G06950.1	Q11(Deamidated); C15(Carbamidomethyl); C19(Carbamidomethyl)	2409.06131	0	0.000643816			
	LQQCVTDGELSDDNVAALLR	1	1	1	AT1G06950.1	Q2(Deamidated); Q3(Deamidated); C4(Carbamidomethyl); N14(Deamidated)	2220.04277	0.000086	0.00295156			
	MIAFNTLVVTEMVADIKGESSDKAPEEDPVQ	1	1	1	AT1G06950.1	N5(Deamidated); Q31(Deamidated)	3622.76015	0.000355	0.002593301			
	YVTSVLPTEGQSLKGDEVAK	8	1	1	AT1G06950.1		2121.10288	0.000769	0.01998857			
	RVFTNYIRR	8	1	1	AT1G06950.1		1224.69358	0.001616	0.05463085			
	DINVENLVDLRK	4	1	1	AT1G06950.1		1427.78528	0.002217	0.07923151			
	YVTSVLPTEGQSLK	4	1	1	AT1G06950.1		1521.81291	0.006253	0.1769334			
	DAISSGVDGYDAETRK	4	1	1	AT1G06950.1		1683.78000	0.009009	0.215792			
	LATSAVVLAASLATGYGLGLR	2	1	1	AT1G06950.1	S11(Phospho); T14(Phospho)	2164.08730	0.030431	0.4374003	6	0.2	T(3): 32.9; S(4): 32.9; S(11): 47.8; T(14): 51.7; Y(16): 34.7
	QIRELKEANVSLDSMIAVSLR	1	1	1	AT1G06950.1	S11(Phospho); S19(Phospho)	2532.22354	0.192525	0.842894	13	0.2	S(11): 31.3; S(14): 77.4; S(19): 91.3
	ENAKQLYAERLK	1	1	1	AT1G06950.1	N2(Deamidated); Q5(Deamidated)	1464.76018	0.58373	1			
	VSFPRSSAASSDQLSVSTQAK	1	1	1	AT1G06950.1	S15(Phospho)	2233.06338			10	0.4	S(2): 5.3; S(6): 5.3; S(7): 5.3; S(10): 5.3; S(11): 5.3; S(15): 41.1; S(17): 16.2; T(18): 16.2
AT4G14370.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR	4.37	1	1		2	2					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	DEHVIAMLADSNLDVKQGLKILTNK	1	1	1	AT4G14370.1	T23(Phospho)	2845.46767	0.032434	0.6230141	12	0.9	S(11): 5.6; T(23): 94.4
	ESQLEKLWQGTQPLTNLKK	1	1	1	AT4G14370.1	S2(Phospho)	2321.17729	0.673504	1	22	0.9	S(2): 94.8; T(11): 2.6; T(15): 2.6
AT1G30400.1	multidrug resistance-associated protein	1.79	1	1		1	4					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	ADRPTLSNINLDIPLGSLVAVVGSTGEGK	4	1	1	AT1G30400.1	S17(Phospho); T25(Phospho)	3053.48197	0.034901	0.7442495	2	0.0	T(5): 28.7; S(7): 69.9; S(17): 57.0; S(24): 22.2; T(25): 22.2
AT4G28000.1	P-loop containing nucleoside triphospha	2.53	1	2		2	2					
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	IMVGLPSVESR	1	1	1	AT4G28000.1	M2(Oxidation)	1203.64482	0.01697	0.3900588			

	HTRNLAPGSK	1	1	1	AT4G28000.1	S9(Phospho)		1160.55205	0.087938	0.8867889	51	1.0	T(2): 0.0; S(9): 100.0
AT2G33240.1	myosin XI D	1.92	1	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LPHLYGNEIMEQYKGTDFGELSPHPFAVADS	3	1	1	AT2G33240.1	T16(Phospho); S31(Phospho)		4012.76333	0.037465	0.6673581	0	0.1	Y(5): 33.3; Y(13): 33.3; T(16): 33.3; S(22): 33.3; S(31): 33.3; Y(33): 33.3
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	44.40	1	6		6	130						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IECPSYELVHSGNGYEIR	36	1	1	AT1G17100.1	C3(Carbamidomethyl)		2122.98418	0	1.25119E-07			
	SKEDGGVGSDSAYTVAQYNSPFEFSGR	36	1	1	AT1G17100.1			2855.26682	0	2.36162E-06			
	TAFFQLFAYIQGK	24	1	1	AT1G17100.1			1533.80962	0	1.60599E-06			
	KNQPDPAPSENLHIQK	28	1	1	AT1G17100.1			1815.93399	0	1.26986E-08			
	IECPSYELVHSGNGYEIRR	4	1	1	AT1G17100.1	C3(Carbamidomethyl)		2279.08339	0	0.002172821			
	LSFLSLLSGGSDLLGPDAESGVAQIGK	2	1	1	AT1G17100.1	S21(Phospho)		2824.42765	0.038178	0.6709199	6	0.4	S(2): 20.1; S(6): 12.6; S(9): 12.6; S(12): 12.6; S(21): 42.0
AT1G72150.1	PATELLIN 1	22.86	1	8		12	115						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IGSTDEPVITDSFK	20	1	1	AT1G72150.1			1508.74614	0	0.000156195			
	SSFVFVSDFR	8	2	2	AT1G72150.1;AT1G22530.1			1190.58171	0	4.11556E-05			
	VVVLTAEEVQK	24	1	1	AT1G72150.1			1214.69719	0	9.60483E-11			
	IVITIDNQTSK	8	1	1	AT1G72150.1			1231.68755	0	0.001226766			
	VEEEKPAVPAAEEEK	8	1	1	AT1G72150.1			1654.81418	0	0.000370586			
	VGEPGKIVITIDNQTSKK	4	1	1	AT1G72150.1			1927.08231	0.000076	0.000360918			
	EVTIPTPVAEK	16	1	1	AT1G72150.1			1183.65691	0.000162	0.001314688			
	EFTAPVTPVK	20	1	1	AT1G72150.1			1088.59783	0.000884	0.01828086			
	SSFVFVSDFRNAPGLGKR	1	1	1	AT1G72150.1	S7(Phospho)		2064.01040	0.039425	0.6264254	39	1.0	S(1): 1.0; S(2): 1.0; S(7): 98.0
	EFTAPVTPVKEEK	4	1	1	AT1G72150.1			1474.78104	0.067696	0.8378049			
	ELFSDKEKLNK	1	1	1	AT1G72150.1	N10(Deamidated)		1351.71073	0.25331	0.9850492			
	EVTPEKEAPAAEAEKSVSVK	1	1	1	AT1G72150.1	T3(Phospho)		2179.03969			12	0.9	T(3): 87.3; S(16): 5.9; S(18): 6.9
AT3G13290.1	varicose-related	15.37	1	4		11	117						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LQGEIQPQLEVTPITK	32	3	2	AT3G13300.2;AT3G13290.1			1794.00005	0	1.37224E-06			
	TVSSAITESFQR	12	3	2	AT3G13300.2;AT3G13290.1			1325.66960	0	5.1825E-06			
	EVGEAQTSQNGEINYHETTENHTSESR	28	1	1	AT3G13290.1			3047.32290	0	2.58896E-07			
	VEAPMDPTTELSR	24	3	2	AT3G13300.2;AT3G13290.1			1445.69145	0	2.03544E-05			
	ETISSASSVTQALNR	4	1	1	AT3G13290.1			1563.79436	0	1.17693E-06			
	IDSGQSQLAHTLR	4	1	1	AT3G13290.1			1425.74695	0	6.86848E-05			
	EVGEAQTSQNGEINYHETTENHTSESR	5	1	1	AT3G13290.1	N10(Deamidated)		3048.31460	0	1.53972E-06			
	KYEESFTSALQR	4	3	2	AT3G13300.2;AT3G13290.1			1458.72746	0.000078	0.002592454			
	SDSTVSREANLVESTLETSGMKPTELPSVGSV	1	1	1	AT3G13290.1	S31(Phospho); S36(Phospho)		4472.17115	0.039565	0.7923147	4	0.0	S(1): 16.4; S(3): 16.4; T(4): 16.4; S(6): 16.4; S(14): 16.4; T(15): 16.4; T(18): 16.4; S(19): 16.4; T(24): 16.4; S(28): 16.4; S(31): 17.9; S(36): 17.9
	DVSAKLPESGSSSGLVATNSK	1	1	1	AT3G13290.1	N19(Deamidated)		2035.00888	0.22626	0.9637469			
	SENANMLSFPAGPASAGITPPAIVPPNGEPK	1	1	1	AT3G13290.1	N3(Deamidated)		3032.48453	0.358608	0.9813442			
	GLDSRDVSAKLPESGSSSGLVATNSK	1	1	1	AT3G13290.1	S14(Phospho); S16(Phospho)		2722.22367	0.551857	1	3	0.0	S(4): 25.9; S(8): 25.9; S(14): 25.9; S(16): 25.9; S(17): 25.9; S(18): 18.8; T(23): 25.9; S(25): 25.9
AT3G19420.1	PTEN 2	23.73	1	5		9	75						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GEATEKPSGAGVNASSSSESEFK	24	1	1	AT3G19420.1			2256.02268	0	2.8198E-08			
	VSISGNKGSSQPVQGVTVSK	20	1	1	AT3G19420.1			1959.04758	0	0.000151973			
	FTSGLGIR	16	1	1	AT3G19420.1			850.47856	0.000093	0.005885221			
	LSAAGISNWAK	8	1	1	AT3G19420.1			1117.59917	0.004524	0.1289699			
	VSISGNKGSSQPVQGVTVSKGEATEKPSGAG	1	1	1	AT3G19420.1	S2(Phospho); S4(Phospho); S9(Phospho); S10(Phospho)		4515.95229	0.04077	0.4975071			Too many isoforms
	SSESPNLPAAAGTVPDNHPPPPPVVTAAEA	1	1	1	AT3G19420.1	T26(Phospho); S32(Phospho); S35(Phospho); S41(Phospho)		4338.81167	0.193837	0.8442879	0	0.0	S(1): 51.3; S(2): 51.3; S(4): 51.3; T(13): 49.2; T(26): 49.2; S(32): 49.2; S(35): 49.2; S(41): 49.2
	SPQTNDTTTEGTSSATESSFIGTITKGLVDTSK	1	1	1	AT3G19420.1	S1(Phospho); T4(Phospho); T31(Phospho); S32(Phospho)		3681.49765	0.338917	1			Too many isoforms
	SPQTNDTTTEGTSSATESSFIGTITKGLVDTSK	1	1	1	AT3G19420.1	S18(Phospho); S19(Phospho); T23(Phospho)		4013.77529	0.665383	1			Too many isoforms
	ATEKVSISGNKGSSQPVQGVTVSK	3	1	1	AT3G19420.1	Q15(Deamidated)		2389.25370					
AT5G15090.1	voltage dependent anion channel 3	66.79	1	9		13	405						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ENAITVGTQHALDPLTTVK	48	1	1	AT5G15090.1			2008.07134	0	5.74109E-07			
	VSTDSSLLTTLTFDEPAPGLK	28	1	1	AT5G15090.1			2192.13066	0	0.000371256			
	GSLFLGDVATQVK	24	1	1	AT5G15090.1			1334.73357	0	7.71249E-07			
	SFFTVSGEVDSK	36	1	1	AT5G15090.1			1302.62016	0	0.000203682			
	VGIALALKP	72	2	2	AT5G15090.1;AT3G01280.1			881.58147	0	0.000193049			
	LNASYYQIVSPSTVVGAEISHNFTTK	56	1	1	AT5G15090.1			2826.42862	0	3.6592E-16			
	VKGPGLYTEIGKK	48	2	2	AT3G01280.1;AT5G15090.1			1389.80864	0	0.001975043			
	VNNAGVANALIQHEWRPK	44	1	1	AT5G15090.1			2017.07302	0	5.36091E-08			
	LNASYYQIVSPSTVVGAEISHNFTTK	6	1	1	AT5G15090.1	Q7(Deamidated)		2827.43241	0	0.000118447			
	ARVNNAGVANALIQHEWRPK	20	1	1	AT5G15090.1			2244.20571	0.000339	0.005141637			
	DDLTASLILNDK	12	1	1	AT5G15090.1			1317.69084	0.000542	0.008291097			
	FSVTTYSSTGVAITTTGTNK	6	1	1	AT5G15090.1	T5(Phospho)		2115.98233	0.040776	0.693624	3	0.1	S(2): 9.1; T(4): 9.1; T(5): 9.1; Y(6): 9.1; S(7): 9.1; S(8): 9.1; T(9): 9.1; T(14): 9.1; T(15): 9.1; T(16): 9.1; T(18): 9.1
	NNNFTADVKVSTDSSLLTTLTFDEPAPGLKVI	1	1	1	AT5G15090.1	T5(Phospho); T21(Phospho)		3993.97666			0	0.0	T(5): 25.0; S(11): 25.0; T(12): 25.0; S(14): 25.0; S(15): 25.0; T(18): 25.0; T(19): 25.0; T(21): 25.0
	DDLTASLILNDKGEKLNASYYQIVSPSTVVGA	4	1	1	AT5G15090.1	Y20(Phospho); T40(Phospho)		4599.21059			9	0.0	T(4): 17.6; S(6): 17.6; S(19): 17.6; Y(20): 17.6; Y(21): 17.6; S(25): 10.6; S(27): 10.6; T(28): 13.2; S(35): 15.0; T(39): 31.2; T(40): 31.2
AT2G04842.1	threonyl-tRNA synthetase, putative / thr	15.23	1	8		9	67						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	HTCAHVMAMAVQK	8	1	1	AT2G04842.1	C3(Carbamidomethyl)		1483.69553	0	0.000248023			
	FGGELGTIPVDDLINK	8	1	1	AT2G04842.1			1687.89372	0	4.94124E-06			
	NAETQKIPLMAVVGPK	4	1	1	AT2G04842.1			1695.94883	0	0.000277555			
	VLPVTDNQLEFCK	12	1	1	AT2G04842.1	C12(Carbamidomethyl)		1562.78594	0.000075	0.000586967			
	IRHTCAHVMAMAVQK	16	1	1	AT2G04842.1	C5(Carbamidomethyl)		1752.88027	0.000076	0.000537681			
	AELCHGERLPK	8	1	1	AT2G04842.1	C4(Carbamidomethyl)		1309.66605	0.000227	0.003153637			
	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	4	1	1	AT2G04842.1			2827.54238	0.000517	0.008631568			
	MEILDGIK	4	1	1	AT2G04842.1			918.49761	0.001759	0.04940787			
	SRFGGELGTIPVDDLINKINIAVETR	1	1	1	AT2G04842.1	S1(Phospho); T9(Phospho); T25(Phospho)		3067.42545	0.041246	0.6307821	38	1.0	S(1): 100.0; T(9): 100.0; T(25): 100.0
	NAETQKIPLMAVVGPKEVETGTVTVR	2	1	1	AT2G04842.1	T22(Phospho)		2847.45114			0	0.3	T(4): 25.0; T(20): 25.0; T(22): 25.0; T(24): 25.0
AT2G39730.1	rubisco activase	85.23	2	4		70	8543						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VQLAETYLSQAALGDANADAIGR	324	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			2347.18877	0	9.13333E-13			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	215	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)		2320.05620	0	5.13197E-10			
	LMEYGNMLVMEQENVK	168	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			1927.89751	0	4.01511E-08			
	LMEYGNMLVMEQENVK	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M10(Oxidation)		1959.88529	0	1.77202E-05			
	VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	120	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			3000.49637	0	4.4127E-11			
	LMEYGNMLVMEQENVK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation); M10(Oxidation)		1975.88176	0	4.01462E-10			
	LMEYGNMLVMEQENVKR	180	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			2083.99419	0	4.76809E-09			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	207	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)		2336.06035	0	9.84527E-09			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	172	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			2304.06230	0	2.00031E-07			
	DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	136	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			2582.27056	0	1.06686E-06			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M7(Oxidation); M8(Oxidation)		2352.04619	0	3.11729E-09			
	VPIICTGNDFSTLYAPLIR	224	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl)		2150.13506	0	3.92855E-12			
	RVQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	80	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			3156.59946	0	1.16108E-12			
	GLAYDTSDDQQDITR	188	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2			1697.76030	0	1.41604E-09			

LMEYGNMLVMEQENVK	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M10(Oxidation)	1943.89322	0	2.28641E-05
MCCLFINDLDAGAGR	144	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl)	1712.76091	0	4.52904E-06
MCCLFINDLDAGAGR	37	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl)	1728.74980	0	2.74522E-08
LMEYGNMLVMEQENVKR	118	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation)	2099.99063	0	4.16502E-06
KGKMCCLFINDLDAGAGR	68	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); C6(Carbamidomethyl)	2025.96599	0	6.62329E-10
GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	86	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation)	3525.68081	0	8.20227E-07
GKMCCLFINDLDAGAGR	56	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl); C5(Carbamidomethyl)	1897.86992	0	1.90942E-08
RVQLAETYLSQAALGDANADAIGR	164	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2503.27397	0	5.09576E-07
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	29	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2416.02251	0	3.91966E-05
GLAYDTSDDQQDITRGK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1882.87493	0	7.54923E-08
GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	17	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation); M13(Oxidation)	3541.68491	0	2.12592E-09
GKMCCLFINDLDAGAGR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M3(Oxidation); C4(Carbamidomethyl); C5(Carbamidomethyl)	1913.85930	0	4.33514E-08
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	33	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M18(Oxidation)	2400.03398	0	2.5848E-10
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	168	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2823.45391	0	8.26991E-08
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIR	192	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl)	2749.39762	0	3.29353E-09
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	100	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3324.57309	0	1.27415E-08
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	107	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	2702.32981	0	4.57389E-07
EGPPVFEQPEMTYEK	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M11(Oxidation)	1796.80522	0	8.28058E-07
KFVESLGVEKIGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1433.83490	0	4.84607E-06
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	60	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation)	3340.57265	0	0.001270698
WRGLAYDTSDDQQDITR	64	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2039.93486	0	9.58508E-08
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	128	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2686.34355	0	3.55745E-05
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	96	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2718.32608	0	2.71827E-07
GTFYGKGAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDP1	120	1	1	AT2G39730.1	C19(Carbamidomethyl)	3435.62729	0	7.5121E-11
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	115	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M13(Oxidation); M19(Oxidation)	3991.82114	0	0.000043484
TDKIKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	116	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3167.62387	0	4.56138E-10
EGPPVFEQPEMTYEK	144	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1780.80803	0	9.70625E-08
NFLTLPNIKVPLILGIWGGKGQGK	88	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2563.50748	0	5.8106E-10
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	428	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M19(Oxidation); M33(Oxidation)	3975.83291	0	0.000113888
GAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDPTAR	168	1	1	AT2G39730.1	C13(Carbamidomethyl)	2782.30522	0	8.28888E-07
GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	148	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3509.69199	0	2.23903E-08
NFLTLPNIKVPLILGIWGGK	72	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2193.30840	0	4.60099E-08
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	72	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2384.04473	0	3.07455E-09
VPLILGIWGGKGQGK	60	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1522.90947	0	0.000238323
KFVESLGVEK	88	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1135.63677	0	0.00022814
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	64	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3050.61490	0	4.87741E-05
LMEYGNMLVMEQENVKR	79	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M10(Oxidation)	2115.98178	0	0.00053446
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	208	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M13(Oxidation)	3959.83188	0	1.50428E-05
SFQCELVMAK	23	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl); M8(Oxidation)	1228.56853	0	2.00246E-05
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4543.09780	0	1.73911E-05
LVVHITKNFLTLPNIKVPLILGIWGGK	20	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2983.82119	0	1.95015E-07
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M13(Oxidation); M19(Oxidation); M33(Oxidation)	4007.80625	0	2.93552E-09
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	152	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3943.85023	0	8.29166E-09
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3174.53261	0	5.203E-07
SFQCELVMAK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1212.57512	0	3.92623E-06
VPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl)	2478.28141	0	2.2252E-06
VYDDEVRKFVESLGVEK	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2012.03391	0	6.03985E-06
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEN	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3689.67405	0	5.99368E-07
WRGLAYDTSDDQQDITRGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2225.05332	0	7.95801E-10
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	15	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2734.31595	0	1.18565E-09
VPLILGIWGGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1152.71294	0	0.000669638
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIRQR	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2970.50014	0	0.000042009
DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	76	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2809.41025	0	5.75301E-07
FVESLGVEK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1007.54076	0	3.23173E-05
ARVYDDEVR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1122.55303	0	0.000325497
IGVCKGIFR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1049.59184	0	0.000144933
LVVHITK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		809.52526	0	0.002792708
GQGKSFQCELVMAK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C8(Carbamidomethyl)	1582.76726	0	0.000724489
IGVCKGIFRTDK	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1393.76136	0	0.00115029 2
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M11(Oxidation)	3356.57260	0	9.26493E-06
MEKPYWAPTR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1328.64466	0	0.000526075
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl)	3077.54482	0	2.96625E-05
VYDDEVR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		895.41509	0	0.000964653
LMEYGNMLVMEQENVKR	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation); M10(Oxidation)	2131.98052	0	0.000105541
YREAADLIKK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1206.68589	0	9.42895E-05
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEN	19	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M17(Oxidation)	3861.78750	0	6.04792E-05
KGKMCCLFINDLDAGAGR	11	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation); C5(Carbamidomethyl); C6(Carbamidomethyl)	2041.96122	0	6.81666E-05
VQLAETYLSQAALGDANADAIGR	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	2348.17911	0	1.87374E-12
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	2305.05474	0	2.49329E-08
GLAYDTSDDQQDITR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q11(Deamidated)	1698.74578	0	1.23866E-07
VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	3001.50510	0	3.64284E-06
LMEYGNMLVMEQENVK	27	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	1928.87541	0	0.002990203
VPIICTGNDFSTLYAPLIR	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); N8(Deamidated)	2151.11138	0	7.68284E-09
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	2687.31113	0	8.85716E-06
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEN	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated)	3847.77939	0	7.00131E-08
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	25	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	3325.55630	0	0.000875714
MCCLFINDLDAGAGR	17	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl); N7(Deamidated)	1713.73992	0	5.02962E-08
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q16(Deamidated)	2824.44394	0	2.51009E-07
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	2385.02593	0	3.95849E-07
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEN	14	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	3690.65769	0	2.79104E-05
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEN	13	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N21(Deamidated)	3846.78872	0	0.000367774
GTFYGKGAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDP1	28	1	1	AT2G39730.1	C19(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	3436.60781	0	8.82999E-07
LVVHITKNFLTLPNIKVPLILGIWGGK	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N14(Deamidated)	2984.81394	0	3.49679E-05
GAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDPTAR	123	1	1	AT2G39730.1	N6(Deamidated); C13(Carbamidomethyl)	2783.29204	0	5.70564E-06
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITK	9	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	3175.52846	0	1.35619E-06
EGPPVFEQPEMTYEK	7	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	1781.79253	0	1.63227E-06
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIR	29	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	2750.38602	0	1.70389E-06
WRGLAYDTSDDQQDITR	10	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	2040.92228	0	0.000011444
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	309	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N15(Deamidated)	3944.83152	0	0.005522067
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q29(Deamidated)	4544.11196	0	2.36291E-05
GTFYGKGAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDP1	8	1	1	AT2G39730.1	Q10(Deamidated); N12(Deamidated); C19(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	3438.60312	0	0.000460138
SFQCELVMAK	5	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q3(Deamidated); C4(Carbamidomethyl)	1213.55705	0	3.66344E-05
GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	3510.65761	0	0.001305045
LMEYGNMLVMEQENVKR	11	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	2084.97654	0	0.000999896
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N15(Deamidated); N20(Deamidated)	3945.83347	0	6.00883E-06

	ARVYDDEVRK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1250.64722	0	0.00040119			
	EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEF	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3845.78318	0	7.43044E-08			
	DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	14	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	2583.25371	0	2.21033E-07			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N4(Deamidated); N17(Deamidated)	2306.04668	0	1.66015E-05			
	GTFYGKGAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDPT	42	1	1	AT2G39730.1	N12(Deamidated); C19(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	3437.61948	0	1.9698E-05			
	TDKIKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	22	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q19(Deamidated)	3168.61074	0	4.41204E-05			
	GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); Q28(Deamidated)	3326.56125	0	0.000219849			
	GAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDPTAR	12	1	1	AT2G39730.1	Q3(Deamidated); C13(Carbamidomethyl); N20(Deamidated)	2784.29180	0	0.002575392			
	RVQLAETYLSQAALGDANADAIGR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q11(Deamidated)	2504.28696	0	0.003524766			
	IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	3051.59254	0	0.000358137			
	RVQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	7	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N18(Deamidated)	3157.60756	0	0.003568785			
	SDDGTCVYNF	24	1	1	AT2G39730.1	C6(Carbamidomethyl)	1177.44658	0	1.22153E-05			
	LVVHITKNFLTLPNIK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1850.12478	0	0.000223318			
	QTDGDRWRGLAYDTSDDQQDITR	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2712.22135	0	0.001846534			
	EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEF	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated)	3691.64573	0	4.24826E-05			
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N27(Deamidated); Q29(Deamidated)	4545.09585	0	2.50719E-06			
	DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated); Q14(Deamidated)	2584.24932	0	0.004257828			
	IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated); Q16(Deamidated)	2825.42850	0	2.99299E-06			
	NFLTLPNIKVPLILGIWGGKGQGK	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N7(Deamidated)	2564.51035	0	1.33581E-05			
	VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q2(Deamidated); N17(Deamidated)	3002.49259	0	0.002171381			
	MEKFYWAPTREDR	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1728.81498	0.000076	0.001110329			
	VYDDEVRK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1023.50835	0.000076	0.001165083			
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITKNF	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4215.14448	0.000076	0.000139986			
	FYWAPTR	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		940.46776	0.000093	0.003576218			
	NFLTLPNIK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1059.61992	0.000142	0.004635415			
	EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEF	8	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M25(Oxidation)	3705.68772	0.000155	0.00112908			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIRQR	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	2986.49306	0.000162	0.00144408			
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4412.17104	0.000263	0.01410068			
	FYWAPTREDR	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1340.63825	0.000281	0.008033267			
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	42	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	4428.15981	0.000311	0.009482165			
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	4413.17153	0.000317	0.007354345			
	EAADLIKKGK	8	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1072.63335	0.000409	0.01603885			
	EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	5	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	3078.55214	0.000425	0.006509578			
	GIFRTDK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		836.46190	0.000446	0.00583335			
	QRYREAADLIK	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1362.74787	0.00046	0.01290658			
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	10	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated); Q19(Deamidated)	4414.15968	0.000461	0.01185702			
	DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q14(Deamidated)	2810.40122	0.000504	0.008409879			
	YREAADLIK	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1078.58916	0.000748	0.00803021			
	VPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); N8(Deamidated)	2479.27896	0.000816	0.01523423			
	EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEF	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated); Q27(Deamidated)	3848.76340	0.000827	0.02419143			
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITKNF	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N28(Deamidated)	4216.12807	0.001141	0.01107132			
	MEKFYWAPTREDR	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation)	1744.81008	0.001199	0.01983669			
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	9	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation)	4444.14614	0.001647	0.03648901			
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	26	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q6(Deamidated); N10(Deamidated); N35(Deamidated)	3946.81931	0.003117	0.07683746			
	GTFYGKGAQQVNLPVPEGCTDPVAENFDPT	4	1	1	AT2G39730.1	N12(Deamidated); C19(Carbamidomethyl); C38(Carbamidomethyl)	4595.05337	0.020536	0.377951			
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	T8(Phospho)	4023.82387	0.041705	0.808241	20	0.6	T(4): 5.1; T(5): 5.1; Y(7): 23.4; T(8): 58.0; T(17): 5.1; T(26): 2.7; Y(34): 0.7
AT2G39730.2	rubisco activase	84.30	2	3		69	8066					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VQLAETYLSQAALGDANADAIGR	324	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2347.18877	0	9.13333E-13			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	215	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	2320.05620	0	5.13197E-10			
	LMEYGNMLVMEQENVK	168	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1927.89751	0	4.01511E-08			
	LMEYGNMLVMEQENVK	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M10(Oxidation)	1959.88529	0	1.77202E-05			
	VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	120	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3000.49637	0	4.4127E-11			
	LMEYGNMLVMEQENVK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation); M10(Oxidation)	1975.88176	0	4.01462E-10			
	LMEYGNMLVMEQENVKR	180	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2083.99419	0	4.76809E-09			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	207	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2336.06035	0	9.84527E-09			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	172	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2304.06230	0	2.00031E-07			
	DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	136	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2582.27056	0	1.06686E-06			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2352.04619	0	3.11729E-09			
	VPIICTGNDFSTLYAPLIR	224	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl)	2150.13506	0	3.92855E-12			
	RVQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	80	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3156.59946	0	1.16108E-12			
	GLAYDTSDDQQDITR	188	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1697.76030	0	1.41604E-09			
	LMEYGNMLVMEQENVK	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M10(Oxidation)	1943.89322	0	2.28641E-05			
	MCCLFINDLDAGAGR	144	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl)	1712.76091	0	4.52904E-06			
	MCCLFINDLDAGAGR	37	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl)	1728.74980	0	2.74522E-08			
	LMEYGNMLVMEQENVKR	118	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation)	2099.99063	0	4.16502E-06			
	KGKMCCLFINDLDAGAGR	68	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); C6(Carbamidomethyl)	2025.96599	0	6.62329E-10			
	GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	86	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation)	3525.68081	0	8.20227E-07			
	GKMCCLFINDLDAGAGR	56	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl); C5(Carbamidomethyl)	1897.86992	0	1.90942E-08			
	RVQLAETYLSQAALGDANADAIGR	164	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2503.27397	0	5.09576E-07			
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	29	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2416.02251	0	3.91966E-05			
	GLAYDTSDDQQDITRGK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1882.87493	0	7.54923E-08			
	GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	17	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation); M13(Oxidation)	3541.68491	0	2.12592E-09			
	GKMCCLFINDLDAGAGR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M3(Oxidation); C4(Carbamidomethyl); C5(Carbamidomethyl)	1913.85930	0	4.33514E-08			
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	33	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M18(Oxidation)	2400.03398	0	2.5848E-10			
	IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	168	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2823.45391	0	8.26991E-08			
	EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIR	192	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl)	2749.39762	0	3.29353E-09			
	GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	100	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3324.57309	0	1.27415E-08			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	107	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	2702.32981	0	4.57389E-07			
	EGPPVFEQPEMTYEK	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M11(Oxidation)	1796.80522	0	8.28058E-07			
	KFVESLGVEKIGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1433.83490	0	4.84607E-06			
	GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	60	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation)	3340.57265	0	0.001270698			
	WRGLAYDTSDDQQDITR	64	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2039.93486	0	9.58508E-08			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	128	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2686.34355	0	3.55745E-05			
	MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	96	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2718.32608	0	2.71827E-07			
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	115	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M13(Oxidation); M19(Oxidation)	3991.82114	0	0.000043484			
	TDKIKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	116	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3167.62387	0	4.56138E-10			
	EGPPVFEQPEMTYEK	144	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1780.80803	0	9.70625E-08			
	NFLTLPNIKVPLILGIWGGKGQGK	88	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2563.50748	0	5.8106E-10			
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	428	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M19(Oxidation); M33(Oxidation)	3975.83291	0	0.000113888			
	GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	148	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3509.69199	0	2.23903E-08			
	NFLTLPNIKVPLILGIWGGK	72	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2193.30840	0	4.60099E-08			
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	72	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2384.04473	0	3.07455E-09			
	VPLILGIWGGKGQGK	60	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1522.90947	0	0.000238323			
	KFVESLGVEK	88	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1135.63677	0	0.00022814			

IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	64	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3050.61490	0	4.87741E-05
LMEYGNMLVMEQENVKR	79	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation); M10(Oxidation)	2115.98178	0	0.00053446
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	208	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M33(Oxidation)	3959.83188	0	1.50428E-05
SFQCELVMAK	23	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl); M8(Oxidation)	1228.56853	0	2.00246E-05
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4543.09780	0	1.73911E-05
LVVHITKNFLTLPNIKVPLILGIWGGK	20	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2983.82119	0	1.95015E-07
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M13(Oxidation); M19(Oxidation); M33(Oxidation)	4007.80625	0	2.93552E-09
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	152	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3943.85023	0	8.29166E-09
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3174.53261	0	5.203E-07
SFQCELVMAK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1212.57512	0	3.92623E-06
VPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl)	2478.28141	0	2.2252E-06
VYDDEVRKFVESLGVEK	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2012.03391	0	6.03985E-06
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3689.67405	0	5.99368E-07
WRGLAYDTSDDQQDITRGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2225.05332	0	7.95801E-10
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	15	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation); M7(Oxidation); M8(Oxidation)	2734.31595	0	1.18565E-09
VPLILGIWGGK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1152.71294	0	0.000669638
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIRQR	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2970.50014	0	0.000042009
DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	76	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2809.41025	0	5.75301E-07
FVESLGVEK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1007.54076	0	3.23173E-05
ARVYDDEVR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1122.55303	0	0.000325497
IGVCKGIFR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1049.59184	0	0.000144933
LVVHITK	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		809.52526	0	0.002792708
GQGKSFQCELVMAK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C8(Carbamidomethyl)	1582.76726	0	0.000724489
IGVCKGIFRTDK	32	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C4(Carbamidomethyl)	1393.76136	0	0.001150292
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M11(Oxidation)	3356.57260	0	9.26493E-06
MEKFYWAPTR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1328.64466	0	0.000526075
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl)	3077.54482	0	2.96625E-05
VYDDEVR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		895.41509	0	0.000964653
LMEYGNMLVMEQENVKR	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation); M10(Oxidation)	2131.98052	0	0.000105541
YREAADLIKK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1206.68589	0	9.42895E-05
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	19	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M17(Oxidation)	3861.78750	0	6.04792E-05
KGKMCCLFINDLDAGAGR	11	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M4(Oxidation); C5(Carbamidomethyl); C6(Carbamidomethyl)	2041.96122	0	6.81666E-05
VQLAETYLSQAALGDANADAIGR	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	2348.17911	0	1.87374E-12
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	2305.05474	0	2.49329E-08
GLAYDTSDDQQDITR	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q11(Deamidated)	1698.74578	0	1.23866E-07
VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	3001.50510	0	3.64284E-06
LMEYGNMLVMEQENVK	27	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	1928.87541	0	0.002990203
VPIICTGNDFSTLYAPLIR	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); N8(Deamidated)	2151.11138	0	7.68284E-09
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIR	24	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N17(Deamidated)	2687.31113	0	8.85716E-06
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated)	3847.77939	0	7.00131E-08
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	25	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	3325.55630	0	0.000875714
MCCLFINDLDAGAGR	17	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C2(Carbamidomethyl); C3(Carbamidomethyl); N7(Deamidated)	1713.73992	0	5.02962E-08
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q16(Deamidated)	2824.44394	0	2.51009E-07
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDK	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	2385.02593	0	3.95849E-07
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	14	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	3690.65769	0	2.79104E-05
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	13	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N21(Deamidated)	3846.78872	0	0.000367774
LVVHITKNFLTLPNIKVPLILGIWGGK	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N14(Deamidated)	2984.81394	0	3.49679E-05
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITK	9	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	3175.52846	0	1.35619E-06
EGPPVFEQPEMTYEK	7	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated)	1781.79253	0	1.63227E-06
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIR	29	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	2750.38602	0	1.70389E-06
WRGLAYDTSDDQQDITR	10	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	2040.92228	0	0.000011444
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	309	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N15(Deamidated)	3944.83152	0	0.005522067
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q29(Deamidated)	4544.11196	0	2.36291E-05
SFQCELVMAK	5	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q3(Deamidated); C4(Carbamidomethyl)	1213.55705	0	3.66344E-05
GKGMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVS	18	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	3510.65761	0	0.001305045
LMEYGNMLVMEQENVKR	11	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	2084.97654	0	0.000999896
VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGKTI	8	1	1	AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	3488.72060	0	0.00046354
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	77	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N15(Deamidated); N20(Deamidated)	3945.83347	0	6.00883E-06
ARVYDDEVRK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1250.64722	0	0.00040119
GTFYGKTEEKEPSK	16	1	1	AT2G39730.2		1600.77983	0	0.000313736
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	28	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		3845.78318	0	7.43044E-08
DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	14	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated)	2583.25371	0	2.21033E-07
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAK	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N4(Deamidated); N17(Deamidated)	2306.04668	0	1.66015E-05
TDKIKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	22	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q19(Deamidated)	3168.61074	0	4.41204E-05
GMVDSVFQAPMGTGTHHAVLSSYEYVSQG	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); Q28(Deamidated)	3326.56125	0	0.000219849
RVQLAETYLSQAALGDANADAIGR	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q11(Deamidated)	2504.28696	0	0.003524766
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated)	3051.59254	0	0.000358137
RVQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	7	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N18(Deamidated)	3157.60756	0	0.003568785
VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGKTI	20	1	1	AT2G39730.2		3487.73452	0	8.29535E-06
LVVHITKNFLTLPNIK	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1850.12478	0	0.000223318
QTDGDRWRGLAYDTSDDQQDITR	12	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		2712.22135	0	0.001846534
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated)	3691.64573	0	4.24826E-05
MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN\	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N27(Deamidated); Q29(Deamidated)	4545.09585	0	2.50719E-06
DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q10(Deamidated); Q14(Deamidated)	2584.24932	0	0.004257828
IKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated); Q16(Deamidated)	2825.42850	0	2.99299E-06
NFLTLPNIKVPLILGIWGGKGQGK	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N7(Deamidated)	2564.51035	0	1.33581E-05
VQLAETYLSQAALGDANADAIGRGTFYGK	6	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q2(Deamidated); N17(Deamidated)	3002.49259	0	0.002171381
MEKFYWAPTREDR	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1728.81498	0.000076	0.001110329
VYDDEVRK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1023.50835	0.000076	0.001165083
QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITKNF	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4215.14448	0.000076	0.000139986
FYWAPTR	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		940.46776	0.000093	0.003576218
NFLTLPNIK	48	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1059.61992	0.000142	0.004635415
EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	8	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M25(Oxidation)	3705.68772	0.000155	0.00112908
MGINPIMMSAGELESGNAGEPAKLIRQR	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	2986.49306	0.000162	0.00144408
LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		4412.17104	0.000263	0.01410068
FYWAPTREDR	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1340.63825	0.000281	0.008033267
LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	42	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M7(Oxidation)	4428.15981	0.000311	0.009482165
LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	16	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N6(Deamidated)	4413.17153	0.000317	0.007354345
EAADLIKKGK	8	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1072.63335	0.000409	0.01603885
EENARVPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	5	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C10(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	3078.55214	0.000425	0.006509578
GIFRTDK	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		836.46190	0.000446	0.00583335
QRYREAADLIK	36	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1362.74787	0.00046	0.01290658
LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	10	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q12(Deamidated); Q19(Deamidated)	4414.15968	0.000461	0.01185702
DEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALRAR	2	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q14(Deamidated)	2810.40122	0.000504	0.008409879
GTFYGKTEEK	8	1	1	AT2G39730.2		1159.56072	0.000644	0.0106568

	YREAADLIK	40	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2		1078.58916	0.000748	0.00803021				
	VPIICTGNDFSTLYAPLIRDGR	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	C5(Carbamidomethyl); N8(Deamidated)	2479.27896	0.000816	0.01523423				
	EGPPVFEQPEMTYEKLMEYGNMLVMEQEI	4	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q8(Deamidated); N21(Deamidated); Q27(Deamidated)	3848.76340	0.000827	0.02419143				
	QYNLDNMMDGFYIAPAFMDKLVVHITKNF	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	N28(Deamidated)	4216.12807	0.001141	0.01107132				
	MEKFYWAPTREDR	3	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M1(Oxidation)	1744.81008	0.001199	0.01983669				
	LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAA	9	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	M2(Oxidation); M7(Oxidation)	4444.14614	0.001647	0.03648901				
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN	26	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	Q6(Deamidated); N10(Deamidated); N35(Deamidated)	3946.81931	0.003117	0.07683746				
	MGGTTQYTVNNQMVNATLMNIADNPTN	1	3	2	AT2G39730.1;AT2G39730.2	T8(Phospho)	4023.82387	0.041705	0.808241	20	0.6	T(4): 5.1; T(5): 5.1; Y(7): 23.4; T(8): 58.0; T(17): 5.1; T(26): 2.7; Y(34): 0.7	
AT4G33470.1	histone deacetylase 14	6.62	1	1		1	2						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ISDIGKGKEGTTLNLPLPGGSGDIAMR	2	1	1	AT4G33470.1	T12(Phospho); S22(Phospho)	2914.37971	0.042196	0.6546152	2	0.2	S(2): 36.8; T(12): 54.4; T(13): 54.4; S(22): 54.4	
AT3G22760.1	Tesmin/TSO1-like CXC domain-containin	2.79	1	1		1	1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VIRNSDSIIEVGEDASK	1	1	1	AT3G22760.1	S16(Phospho)	1911.89481	0.042639	0.8216446	52	1.0	S(5): 0.0; S(7): 0.1; S(16): 99.9	
AT3G16950.1	lipoamide dehydrogenase 1	51.75	2	8		19	455						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TAIIEGDVVGGTCVNR	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl)	1660.82976	0	1.88588E-08				
	APFTNGLGLENVNVVTQR	28	2	1	AT3G16950.1		1929.01702	0	6.4086E-10				
	AIGVDILTGFGSVLGPQK	16	2	1	AT3G16950.1		1771.99297	0	1.14088E-08				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	7	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	M1(Oxidation)	3901.01636	0	4.00428E-10				
	SFDYDLIIIGAGVGGHGAALHAVEK	56	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		2510.30143	0	1.04978E-08				
	DIIIATGSVPFVPK	24	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1456.84050	0	0.000118489				
	KIDYHTGVFASK	32	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1365.71428	0	8.79294E-06				
	DTLEVDAALIATGR	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1444.76457	0	4.08376E-07				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	44	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		3885.02041	0	1.75144E-09				
	DGKPVLIELIDAK	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1410.82102	0	0.000126997				
	DHVLNHLSIPAACFTHPEISMVGLTEPQAK	24	2	1	AT3G16950.1	C13(Carbamidomethyl)	3312.66152	0	8.35497E-06				
	AIGVDILTGFGSVLGPQKVK	28	2	1	AT3G16950.1		1999.16013	0	0.000268043				
	TAIIEGDVVGGTCVNRGCVPSK	24	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl); C18(Carbamidomethyl)	2289.12925	0	0.000324445				
	LMLAHAASAQGISVVEQVSGR	20	2	1	AT3G16950.1		2124.12247	0	0.000971804				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	8	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	N7(Deamidated)	3886.02918	0	0.000284173				
	EGFKVSVVK	12	2	1	AT3G16950.1		992.57701	0	0.001996101				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	1	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	N7(Deamidated); N29(Deamidated)	3887.01211	0	5.87504E-05				
	SFGLQVSAAGYDR	4	2	1	AT3G16950.1		1370.66887	0	0.000481634				
	LAVHAHPTLSEVLDELFK	4	2	1	AT3G16950.1		2019.08878	0	0.000345748				
	IDYHTGVFASK	16	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1237.62055	0.000075	0.000245516				
	DHVLNHLSIPAACFTHPEISMVGLTEPQAK	4	2	1	AT3G16950.1	N5(Deamidated); C13(Carbamidomethyl)	3313.64980	0.00009	0.001425452				
	MRELQNEHHMK	16	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1452.67875	0.000309	0.000979513				
	DIIIATGSVPFVPK	2	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	S8(Phospho)	1536.80143	0.043742	0.5158506	38	0.9	T(6): 12.3; S(8): 87.7	
	KSFQVSASASSNGNGAPPK	1	2	1	AT3G16950.1	S2(Phospho); S6(Phospho); S11(Phospho)	2073.79985	0.549979	1	36	0.4	S(2): 75.4; S(6): 75.4; S(8): 33.8; S(10): 33.8; S(11): 81.5	
AT4G16155.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	53.81	1	10		23	649						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ALGVDILTGFGAVLGPQK	44	1	1	AT4G16155.1		1756.00334	0	1.43745E-11				
	APFTNGLGLENINVTTQR	48	1	1	AT4G16155.1		1945.01238	0	1.72706E-13				
	TAIIEGDVVGGTCVNR	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl)	1660.82976	0	1.88588E-08				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	7	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	M1(Oxidation)	3901.01636	0	4.00428E-10				
	SFDYDLIIIGAGVGGHGAALHAVEK	56	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		2510.30143	0	1.04978E-08				
	LAVHAHPTLSEVVDELFK	60	1	1	AT4G16155.1		2005.07627	0	3.27816E-07				
	DIIIATGSVPFVPK	24	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1456.84050	0	0.000118489				
	KIDYHTGVFASK	32	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1365.71428	0	8.79294E-06				
	DTLEVDAALIATGR	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1444.76457	0	4.08376E-07				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	44	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		3885.02041	0	1.75144E-09				
	AFGLQVSAAGYDR	20	1	1	AT4G16155.1		1354.67253	0	3.13103E-06				
	DGKPVLIELIDAK	28	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1410.82102	0	0.000126997				
	DHVLNHLSIPAACFTHPEISMVGLTEPQAR	72	1	1	AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl)	3340.65713	0	1.29232E-05				
	ALGVDILTGFGAVLGPQKVK	28	1	1	AT4G16155.1		1983.16367	0	7.33445E-08				
	LMLAHAASAQGISVVEQVTGR	20	1	1	AT4G16155.1		2138.14817	0	9.73824E-05				
	DHVLNHLSIPAACFTHPEISMVGLTEPQAR	6	1	1	AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl); M21(Oxidation)	3356.65273	0	8.25078E-06				
	TAIIEGDVVGGTCVNRGCVPSK	24	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	C13(Carbamidomethyl); C18(Carbamidomethyl)	2289.12925	0	0.000324445				
	LVPHLYCIGDANGK	20	1	1	AT4G16155.1	C7(Carbamidomethyl)	1556.78757	0	0.000677275				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	8	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	N7(Deamidated)	3886.02918	0	0.000284173				
	DHVLNHLSIPAACFTHPEISMVGLTEPQAR	4	1	1	AT4G16155.1	N5(Deamidated); C13(Carbamidomethyl)	3341.65866	0	2.12601E-05				
	MIYRPDNGEILGVHIFGLHAADLIHEASNAIA	1	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	N7(Deamidated); N29(Deamidated)	3887.01211	0	5.87504E-05				
	MRVIDGNGKLVPHLYCIGDANGK	4	1	1	AT4G16155.1	C16(Carbamidomethyl)	2527.29629	0	0.000680348				
	IDYHTGVFASK	16	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1237.62055	0.000075	0.000245516				
	ITPAKDGKPVLIELIDAK	4	1	1	AT4G16155.1		1921.13633	0.000078	0.002634415				
	MRELQNEHHMK	16	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1		1452.67875	0.000309	0.000979513				
	DIIIATGSVPFVPK	2	3	2	AT3G16950.1;AT4G16155.1	S8(Phospho)	1536.80143	0.043742	0.5158506	38	0.9	T(6): 12.3; S(8): 87.7	
	IEVSAAASSSAGNGAPSKSFDYDLIIIGAGVG	2	1	1	AT4G16155.1	S17(Phospho)	4175.02358	0.156631	1	1	0.1	S(4): 11.0; S(8): 14.8; S(9): 14.8; S(10): 14.8; S(17): 14.8; S(19): 14.8; Y(22): 14.8	
	VKYGDNIITGKDIIIATGSVPFVPK	2	1	1	AT4G16155.1	T9(Phospho); S19(Phospho)	2805.44144	0.313538	0.9544356	0	0.2	Y(3): 50.0; T(9): 50.0; T(17): 50.0; S(19): 50.0	
	GSELDIIAGNFEISGLK	1	1	1	AT4G16155.1	N10(Deamidated)	1763.91579	0.593395	1				
AT3G06650.1	ATP-citrate lyase B-1	53.95	1	4		21	426						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IGDTAGTIDNIIQCK	32	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C14(Carbamidomethyl)	1618.80913	0	1.15396E-07				
	SAAASSMAALKQPTIK	8	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1574.85539	0	7.71683E-07				
	SGGMSNEMYNTIAR	16	1	1	AT3G06650.1		1530.66240	0	2.29984E-06				
	DLVSSLVSGLLTIGPR	76	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1626.94512	0	5.28903E-06				
	ETPSVAGIINPGSEGFQK	28	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1830.92107	0	1.49457E-08				
	VTDGIYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILR	44	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		2802.42917	0	1.88773E-08				
	VVAIIAEGVPESDTK	24	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1527.82475	0	3.07218E-07				
	MLDFDFLCGR	12	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C8(Carbamidomethyl)	1273.57219	0	0.000587304				
	AGKDLVSSLVSGLLTIGPR	24	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1883.09452	0	0.002044906				
	ANNKVIIGPATVGGVQAGAFK	28	1	1	AT3G06650.1		2012.12766	0	1.9724E-07				
	LYRPGSVGFVSK	36	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1309.72556	0	1.53506E-07				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF	4	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C20(Carbamidomethyl)	3930.98379	0	0.000588942				
	LFKSEVQFGHAGAK	16	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1518.80527	0	0.000186766				
	NTQALFYNYK	16	1	1	AT3G06650.1		1261.62236	0	0.000504056				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF	2	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C20(Carbamidomethyl); N31(Deamidated)	3931.97402	0	6.28772E-05				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	Q5(Deamidated); C20(Carbamidomethyl); N31(Deamidated)	3932.95522	0	6.26326E-05				
	EVTPPQIPEDLSSAIK	28	1	1	AT3G06650.1		1723.91142	0.000076	0.000781903				
	EVTPPQIPEDLSSAIK	1	1	1	AT3G06650.1	Q6(Deamidated)	1724.90727	0.000086	0.002272735				
	VRAPTHIISTISDDR	8	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1680.90232	0.000147	0.003642086				
	SIGLIGHTFDQKR	4	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1471.80109	0.000409	0.01372313				
	ATGQLFSR	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	N-Term(Acetyl)	921.48210	0.006911	0.1905263				
	ANNLVLNVDGAIGSLFLDLLAGSGMFTK	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	S23(Phospho)	2930.46369	0.044228	0.6621496	2	0.4	S(14): 27.2; S(23): 41.3; T(27): 31.6	

	ETFDKLVEEGK	4	1	1	AT3G06650.1		1294.65113	0.058876	0.8056332				
	SAAASSMAALKQPTIK	7	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	T14(Phospho)	1654.83231	0.112802	0.9624517	64	1.0	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(14): 100.0	
	DLVSSLVSGLLTIGPRFGGAIDDAAR	3	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	S5(Phospho); S8(Phospho)	2760.32265	0.156783	0.7947092	8	0.2	S(4): 31.4; S(5): 47.2; S(8): 60.7; T(12): 60.7	
	IGDTAGTIDNIIQCK	2	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	Q13(Deamidated); C14(Carbamidomethyl)	1619.79131						
AT5G49460.1	ATP citrate lyase subunit B 2	52.47	1	4		20	393						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IGDTAGTIDNIIQCK	32	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C14(Carbamidomethyl)	1618.80913	0	1.15396E-07				
	SAAASSMAALKQPTIK	8	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1574.85539	0	7.71683E-07				
	DLVSSLVSGLLTIGPR	76	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1626.94512	0	5.28903E-06				
	ETPSVAGIINPGSEGFQK	28	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1830.92107	0	1.49457E-08				
	SGGMSNEMYNTVAR	20	1	1	AT5G49460.1		1516.65117	0	0.000109005				
	VTDGIYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILR	44	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		2802.42917	0	1.88773E-08				
	VVAIIAEGVPESDTK	24	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1527.82475	0	3.07218E-07				
	MLDFDFLCGR	12	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C8(Carbamidomethyl)	1273.57219	0	0.000587304				
	AGKDLVSSLVSGLLTIGPR	24	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1883.09452	0	0.002044906				
	ANNKVVIGPATVGGIQAGAFK	28	1	1	AT5G49460.1		2012.12876	0	3.6592E-16				
	LYRPGSVGFVSK	36	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1309.72556	0	1.53506E-07				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF.	4	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C20(Carbamidomethyl)	3930.98379	0	0.000588942				
	LFKSEVQFGHAGAK	16	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1518.80527	0	0.000186766				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF.	2	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	C20(Carbamidomethyl); N31(Deamidated)	3931.97402	0	6.28772E-05				
	LFFGQEEIAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINF.	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	Q5(Deamidated); C20(Carbamidomethyl); N31(Deamidated)	3932.95522	0	6.26326E-05				
	NQALIDAGAIVPTSFEALESAIK	8	1	1	AT5G49460.1		2358.25046	0.000075	0.000782888				
	NQALIDAGAIVPTSFEALESAIKETFEK	4	1	1	AT5G49460.1		2992.53495	0.000092	0.001759698				
	VRAPTHIISTISDDR	8	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1680.90232	0.000147	0.003642086				
	SIGLIGHTFDQKR	4	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1		1471.80109	0.000409	0.01372313				
	ATGQLFSR	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	N-Term(Acetyl)	921.48210	0.006911	0.1905263				
	ANNLVLNVDGAIGSLFLDLLAGSGMFTK	1	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	S23(Phospho)	2930.46369	0.044228	0.6621496	2	0.4	S(14): 27.2; S(23): 41.3; T(27): 31.6	
	SAAASSMAALKQPTIK	7	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	T14(Phospho)	1654.83231	0.112802	0.9624517	64	1.0	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(14): 100.0	
	DLVSSLVSGLLTIGPRFGGAIDDAAR	3	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	S5(Phospho); S8(Phospho)	2760.32265	0.156783	0.7947092	8	0.2	S(4): 31.4; S(5): 47.2; S(8): 60.7; T(12): 60.7	
	IGDTAGTIDNIIQCK	2	2	2	AT3G06650.1;AT5G49460.1	Q13(Deamidated); C14(Carbamidomethyl)	1619.79131						
AT3G15090.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrog	16.39	1	5		5	105						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DVSGEVAAIGTSVK	8	1	1	AT3G15090.1		1332.69927	0	1.15444E-05				
	FGGPEVFELR	24	1	1	AT3G15090.1		1150.58867	0	4.24396E-05				
	IGINFLR	12	1	1	AT3G15090.1		832.50420	0	0.000393816				
	ENVPVPNLNPNEVLVK	32	1	1	AT3G15090.1		1774.96782	0	0.000504169				
	SVFQPHLPIIVGR	20	1	1	AT3G15090.1		1462.85144	0	2.12001E-05				
	DVSGEVAAIGTSVK	6	1	1	AT3G15090.1	T11(Phospho)	1412.66643	0.048002	0.6936916	29	0.9	S(3): 0.2; T(11): 87.5; S(12): 12.3	
	IGINFLR	3	1	1	AT3G15090.1	N4(Deamidated)	833.48717						

Tabelle B3-c: List of Phosphoproteins linked to the associated phosphopeptides identified in this study

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
AT5G14740.2	carbonic anhydrase 2	88.42	5	25	37	1688						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VLAESESSAFEDQCGR	48	5	1	AT5G14740.2	C14(Carbamidomethyl)	1784.77141	0	3.59894E-10			
	ITAELQAASSSDSK	68	5	1	AT5G14740.2		1407.69206	0	1.46616E-10			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVK	72	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		2385.10088	0	5.47836E-10			
	KITAELQAASSSDSK	64	5	1	AT5G14740.2		1535.78765	0	1.18217E-08			
	EAVNVSLANLLTYPFVR	112	5	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1906.04082	0	4.79375E-09			
	SKVLAESESSAFEDQCGR	40	5	1	AT5G14740.2	C16(Carbamidomethyl)	1999.90007	0	5.95876E-10			
	VCPSHVLDFHPGDAFVVR	84	5	1	AT5G14740.2	C2(Carbamidomethyl)	2052.01421	0	1.08838E-08			
	YETNPALYGELAKGQSPK	56	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1965.98760	0	1.39054E-07			
	VKKITAELQAASSSDSK	72	5	1	AT5G14740.2		1762.95049	0	8.82662E-08			
	EKYETNPALYGELAK	96	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1725.86833	0	7.07258E-07			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVK	14	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	M3(Oxidation)	2401.09966	0	1.35436E-07			
	VKYAGVGAAIEYAVLHLK	44	5	1	AT5G14740.2		1902.08091	0	8.44089E-11			
	GNESYEDAIEALK	24	1	1	AT5G14740.2		1438.66728	0	3.53368E-06			
	YETNPALYGELAK	56	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1468.72954	0	5.03053E-06			
	EKYETNPALYGELAKGQSPK	68	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		2223.13066	0	1.27722E-08			
	GNESYEDAIEALKK	56	1	1	AT5G14740.2		1566.76213	0	4.71543E-07			
	VENIVVIGHSACGGIK	56	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	C12(Carbamidomethyl)	1652.87724	0	5.9567E-07			
	NIANMVPPFDKVK	17	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	M5(Oxidation)	1488.78569	0	8.81584E-06			
	KITAELQAASSSDSKSFDPVER	48	5	1	AT5G14740.2		2366.18058	0	3.62627E-09			
	IKEGFVTFKK	16	5	1	AT5G14740.2		1196.70244	0	0.002299566			
	LLIEKDDLKDVAAAK	40	5	1	AT5G14740.2		1641.93840	0	6.84559E-06			
	DDLKDVAAAK	24	5	1	AT5G14740.2		1045.55022	0	0.000289785			
	NIANMVPPFDK	18	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	M5(Oxidation)	1261.62480	0	0.000168151			
	YAGVGAAIEYAVLHLK	56	5	1	AT5G14740.2		1674.92021	0	9.7659E-09			
	LLIEKDDLK	24	5	1	AT5G14740.2		1086.64043	0	0.000910908			
	NIANMVPPFDK	28	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1245.62908	0	0.00036558			
	NIANMVPPFDKVK	68	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1472.79350	0	0.002230565			
	YMVFACSDSR	48	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	C6(Carbamidomethyl)	1235.51799	0	9.44916E-05			
	YMVFACSDSR	15	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	M2(Oxidation); C6(Carbamidomethyl)	1251.51152	0	0.000132037			
	EGFVTFKK	24	5	1	AT5G14740.2		955.52428	0	0.000850632			
	YAGVGAAIEYAVLHLKVENIVVIGHSACGG	16	5	1	AT5G14740.2	C28(Carbamidomethyl)	3308.77668	0	5.25491E-09			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVKICLPAK	16	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	C23(Carbamidomethyl)	3067.48478	0	2.01085E-06			
	KEKYETNPALYGELAK	28	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1		1853.96061	0	5.98512E-06			
	GNESYEDAIEALKK	9	1	1	AT5G14740.2	N-Term(Acetyl)	1608.77202	0	6.13749E-07			
	GNESYEDAIEALKK	10	1	1	AT5G14740.2	Y5(Phospho)	1646.71946	0	0.006829143	78	1.0	S(4): 1.1; Y(5): 98.9
	VLAESESSAFEDQCGR	3	5	1	AT5G14740.2	Q13(Deamidated); C14(Carbamidomethyl)	1785.76250	0	8.41771E-11			
	EAVNVSLANLLTYPFVR	20	5	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	N9(Deamidated)	1907.02690	0	0.000743274			
	ITAELQAASSSDSK	1	5	1	AT5G14740.2	Q6(Deamidated)	1408.67644	0	2.41878E-08			
	YAGVGAAIEYAVLHLKVENIVVIGHSACGG	1	5	1	AT5G14740.2	N19(Deamidated); C28(Carbamidomethyl)	3309.78774	0	5.02357E-06			
	YETNPALYGELAK	2	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	N4(Deamidated)	1469.71611	0	7.01147E-05			
	ITAELQAASSSDSKSFDPVER	16	5	1	AT5G14740.2		2238.08274	0	7.06085E-10			
	DDLKDVAAAKVK	16	5	1	AT5G14740.2		1272.71344	0	1.89952E-10			
	GNESYEDAIEALKKLLIEK	12	1	1	AT5G14740.2		2163.15250	0	0.001548356			
	GNESYEDAIEALKKLLIEK	5	1	1	AT5G14740.2	N-Term(Acetyl)	2205.16477	0	9.38862E-05			
	EKYETNPALYGELAKGQSPK	4	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	Q17(Deamidated)	2224.10886	0	1.11859E-06			
	YETNPALYGELAKGQSPK	4	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	Q15(Deamidated)	1966.97971	0	0.000328932			
	KITAELQAASSSDSK	4	5	1	AT5G14740.2	Q7(Deamidated)	1536.77323	0	0.001413192			
	KLIEKDDLK	20	5	1	AT5G14740.2		1214.73621	0.000098	0.006029261			
	VKKITAELQAASSSDSK	1	5	1	AT5G14740.2	Q9(Deamidated)	1763.93534	0.000112	0.005864737			
	GNESYEDAIEALK	3	1	1	AT5G14740.2	N-Term(Acetyl)	1480.68242	0.000117	0.000638242			
	NIANMVPPFDKVK	4	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	N4(Deamidated)	1473.77753	0.000119	0.000875788			
	IKEGFVTFK	4	5	1	AT5G14740.2		1068.60759	0.000143	0.004220375			
	SFDPVER	12	5	1	AT5G14740.2		849.40953	0.000414	0.0109628			
	EGVVKGTLALK	8	4	1	AT5G14740.2		1114.68108	0.000415	0.01008931			
	KITAELQAASSSDSKSFDPVER	1	5	1	AT5G14740.2	Q7(Deamidated)	2367.17942	0.000685	0.02463325			
	EGFVTFK	8	5	1	AT5G14740.2		827.42912	0.018141	0.418917			
	GLMSFPLDGNNSTDFIEDWVK	2	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	N10(Deamidated)	2386.10088	0.038399	0.5289011			
	VENIVVIGHSACGGIK	1	8	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	N3(Deamidated); C12(Carbamidomethyl)	1653.85892	0.076527	0.809278			
	EAVNVSLANLLTYPFVR	1	5	3	AT5G14740.2;AT3G01500.3;AT3G01500.1	S6(Phospho); T12(Phospho)	2065.98354	0.57572	1	0	0.3	S(6): 66.7; T(12): 66.7; Y(13): 66.7
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 7(	94.93	1	66	67	2709						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	FPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	128	1	1	AT5G52310.1		2354.11724	0	1.34683E-10			
	NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	84	1	1	AT5G52310.1		2233.04619	0	1.08318E-10			
	LPISGGGSGVEEQR	16	1	1	AT5G52310.1		1385.69975	0	1.48014E-09			
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	80	1	1	AT5G52310.1		2575.24491	0	3.54321E-12			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGG	100	1	1	AT5G52310.1		3509.57114	0	1.34414E-08			
	NSPMGFGSESGAELEK	10	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	1655.71929	0	6.20853E-10			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	36	1	1	AT5G52310.1		2371.03349	0	3.43895E-09			
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	68	1	1	AT5G52310.1		3058.48052	0	9.58121E-07			
	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	68	1	1	AT5G52310.1		2752.35111	0	7.91163E-12			
	NSPMGFGSESGAELEK	32	1	1	AT5G52310.1		1639.72173	0	6.62097E-09			
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	72	1	1	AT5G52310.1		2192.11260	0	2.05634E-09			
	SSGWFGGGATEEVKPK	52	1	1	AT5G52310.1		1636.79509	0	1.69619E-08			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	11	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	2387.02622	0	1.0513E-13			
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIE	92	1	1	AT5G52310.1		4265.85512	0	1.42716E-12			
	SDDVEVETELGR	40	1	1	AT5G52310.1		1348.61955	0	4.06245E-07			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGG	15	1	1	AT5G52310.1	M16(Oxidation)	3525.54599	0	1.96595E-09			
	DVPTGFDGEPDFLAK	48	1	1	AT5G52310.1		1607.75945	0	5.69679E-05			
	DSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	72	1	1	AT5G52310.1		2852.36386	0	2.76156E-08			
	VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAI	76	1	1	AT5G52310.1		3556.72336	0	7.94377E-08			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	84	1	1	AT5G52310.1		4004.79966	0	1.43581E-05			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	40	1	1	AT5G52310.1		4132.91567	0	1.05075E-08			
	TETLDQFSPEISHPK	80	1	1	AT5G52310.1		1728.84209	0	1.99359E-07			
	EFDQDFDSVLGK	28	1	1	AT5G52310.1		1399.63689	0	5.09071E-06			
	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	36	1	1	AT5G52310.1		2511.17044	0	7.49388E-10			
	ETNVPASEEIIPPGTK	112	1	1	AT5G52310.1		1681.86235	0	1.7429E-10			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	12	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	2715.27568	0	4.56448E-08			
	LTPVNEKDQETESAVTTKLPISGGGSGVEE	32	1	1	AT5G52310.1		3356.67495	0	1.11702E-10			
	GRPGYGEASEEDKFPAR	96	1	1	AT5G52310.1		1865.87436	0	2.13905E-07			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPI	28	1	1	AT5G52310.1		4150.89223	0	2.7699E-09			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	76	1	1	AT5G52310.1		3186.56247	0	1.01279E-07			

	AASEEGEAVEEEVK	32	1	1	AT5G52310.1		1476.66826	0	2.71223E-06				
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	76	1	1	AT5G52310.1		2699.28257	0	3.15533E-09				
	AFSDMVAEK	8	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1013.45873	0	2.05982E-05				
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPI	3	1	1	AT5G52310.1	M22(Oxidation)	4166.91616	0	2.64198E-05				
	DVPIHHPLSELSDR	76	1	1	AT5G52310.1		1614.82244	0	2.96709E-05				
	RDVPIHHPLSELSDR	48	1	1	AT5G52310.1		1770.92290	0	3.44578E-07				
	SDDVEVETELGRDPK	52	1	1	AT5G52310.1		1688.79570	0	7.2552E-06				
	TETGMDTNSPSR	24	1	1	AT5G52310.1		1295.55095	0	0.000530268				
	DQETESAVTTK	16	1	1	AT5G52310.1		1208.56206	0	0.000443124				
	LQIGGEEEK	20	1	1	AT5G52310.1		1002.50804	0	0.000170204				
	TETGMDTNSPSR	3	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1311.54411	0	6.57064E-05				
	AFSDMVAEK	16	1	1	AT5G52310.1		997.46361	0	0.000312325				
	MDQTEEPPLNTHQQNPEEVEHHENGATI	16	1	1	AT5G52310.1	N-Term(Acetyl)	3304.45163	0	2.1171E-07				
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	26	1	1	AT5G52310.1	S4(Phospho)	2272.07793	0	1.6889E-05	145	0.9	S(1): 6.1; S(4): 93.9; S(8): 0.0; S(11): 0.0; S(14): 0.0; T(15): 0.0	
	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	12	1	1	AT5G52310.1	S15(Phospho)	2591.13132	0	8.12731E-07	72	0.1	T(8): 0.0; S(15): 11.3; S(18): 88.7	
	DVPIHHPLSELSDR	12	1	1	AT5G52310.1	S12(Phospho)	1694.78691	0	0.000599592	140	1.0	S(9): 0.0; S(12): 100.0	
	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	19	1	1	AT5G52310.1	S17(Phospho)	2832.31510	0	0.000150004	50	1.0	T(10): 0.3; S(17): 98.8; S(20): 1.0	
	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATI	16	1	1	AT5G52310.1	T4(Phospho)	3342.38857	0	2.13445E-05	36	1.0	T(4): 96.1; T(11): 3.8; T(27): 0.0	
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGG	21	1	1	AT5G52310.1	N15(Deamidated)	3510.56064	0	2.861E-11				
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	2	1	1	AT5G52310.1	Q36(Deamidated)	4133.91025	0	4.26822E-08				
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIE	52	1	1	AT5G52310.1	Q9(Deamidated)	4266.84766	0	1.54034E-08				
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	10	1	1	AT5G52310.1	Q24(Deamidated)	2576.23771	0	4.67821E-08				
	NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	2	1	1	AT5G52310.1	N18(Deamidated)	2234.03105	0	1.78144E-08				
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	2	1	1	AT5G52310.1	N5(Deamidated)	2372.01267	0	1.06436E-11				
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPI	12	1	1	AT5G52310.1	N21(Deamidated)	4151.89614	0	5.06509E-09				
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	2	1	1	AT5G52310.1	Q18(Deamidated)	2700.28105	0	2.27294E-06				
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	10	1	1	AT5G52310.1	Q36(Deamidated)	4005.80459	0	9.1847E-06				
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	10	1	1	AT5G52310.1	Q20(Deamidated)	2193.10031	0	7.67385E-06				
	TETLDQFSPELSHPK	4	1	1	AT5G52310.1	Q6(Deamidated)	1729.82682	0	2.2566E-05				
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	22	1	1	AT5G52310.1	N3(Deamidated)	3187.56523	0	0.000420339				
	NESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	32	1	1	AT5G52310.1		2409.10819	0	9.43508E-09				
	NSPMGFGSESGAELEK	6	1	1	AT5G52310.1	S8(Phospho)	1719.68926	0	5.82087E-06	133	1.0	S(2): 0.0; S(8): 99.6; S(10): 0.4	
	AASEEGEAVEEEVK	3	1	1	AT5G52310.1	S3(Phospho)	1556.63347	0	8.73928E-08	143	1.0	S(3): 100.0	
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDELEPEVIE	12	1	1	AT5G52310.1	N5(Deamidated); Q9(Deamidated)	4267.84829	0	2.29572E-08				
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	3	1	1	AT5G52310.1	N2(Deamidated)	3059.47588	0	1.33686E-05				
	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATI	3	1	1	AT5G52310.1	N10(Deamidated)	3263.44204	0	9.70221E-05				
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	4	1	1	AT5G52310.1	M19(Oxidation)	2163.97757	0	1.58349E-05				
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	16	1	1	AT5G52310.1		2147.98551	0	1.38184E-07				
	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLG	24	1	1	AT5G52310.1		3809.89004	0	1.00814E-05				
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	1	1	1	AT5G52310.1	Q2(Deamidated); Q24(Deamidated)	2577.23197	0	2.79106E-08				
	SKEFKEFDQDFDSVLGK	8	1	1	AT5G52310.1		2018.96811	0	5.76071E-08				
	DYVAEKLTTEEEDK	8	1	1	AT5G52310.1		1669.77861	0	1.60002E-06				
	NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	8	1	1	AT5G52310.1		2762.26993	0	3.41751E-06				
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQRGEDK	8	1	1	AT5G52310.1		3004.43520	0	7.60452E-06				
	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	2	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	2167.94858	0	0.000145117				
	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	8	1	1	AT5G52310.1		2151.96091	0	9.45414E-05				
	TETLDQFSPELSHPKER	16	1	1	AT5G52310.1		2013.98380	0	1.7046E-05				
	DSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEKDI	12	1	1	AT5G52310.1		3468.66152	0	0.00098886				
	AFSDMVAEKLQIGGEEEK	8	1	1	AT5G52310.1		1980.95615	0	1.7576E-06				
	EFDQDFDSVLGKDSPAKFPGESGVVFPVGI	8	1	1	AT5G52310.1		4232.98891	0	0.004730735				
	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	5	1	1	AT5G52310.1	T7(Phospho)	2231.92344	0	1.29694E-05	46	0.8	T(1): 0.5; T(3): 2.5; T(7): 83.0; S(9): 13.4; S(11): 0.5; S(13): 0.0	
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGG	1	1	1	AT5G52310.1	N15(Deamidated); Q25(Deamidated); Q29(Deamidated)	3512.53965	0	2.06896E-05				
	LTPVNEKDQETESAVTTKLPISGGGSGVEEI	3	1	1	AT5G52310.1	Q9(Deamidated)	3357.66811	0	4.58659E-08				
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	1	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated); Q36(Deamidated)	4006.80117	0	0.000495174				
	ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	4	1	1	AT5G52310.1		2706.28676	0	1.25506E-15				
	SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	4	1	1	AT5G52310.1		3231.52797	0	2.39228E-06				
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTP	4	1	1	AT5G52310.1		3480.70530	0	0.003068046				
	SHDFDMKTETGMDTNSPSR	2	1	1	AT5G52310.1	M6(Oxidation); M12(Oxidation)	2187.88620	0	0.000781285				
	SHELDLKNESDIDK	4	1	1	AT5G52310.1		1642.78800	0	0.000122158				
	SHDFDMK	4	1	1	AT5G52310.1		879.36516	0	0.005082572				
	DVPIHHPLSELSDREESR	4	1	1	AT5G52310.1		2116.03580	0	0.002593509				
	RDVPIHHPLSELSDREESR	4	1	1	AT5G52310.1		2272.13881	0	0.002458378				
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDI	1	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated); Q36(Deamidated)	4134.91587	0	4.77272E-06				
	VPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAI	1	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	3557.73227	0	1.08874E-07				
	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLG	2	1	1	AT5G52310.1	Q26(Deamidated)	3810.88662	0	0.001548169				
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDELEPEVIE	1	1	1	AT5G52310.1	Q3(Deamidated); N5(Deamidated); Q9(Deamidated)	4268.84229	0	0.003645537				
	SHELDLK	16	1	1	AT5G52310.1		841.43791	0.000098	0.002876586				
	DEKTEEPKQSTYTEK	8	1	1	AT5G52310.1		1812.84610	0.000098	0.003345531				
	EEKRDVPIHHPLSELSDR	4	1	1	AT5G52310.1		2157.10219	0.0001	0.000753723				
	EFDQKNDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNI	12	1	1	AT5G52310.1		3409.56801	0.000442	0.006177761				
	EFKEFDQDFDSVLGK	8	1	1	AT5G52310.1		1803.85031	0.000484	0.01412151				
	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLG	22	1	1	AT5G52310.1	S1(Phospho)	3889.86977	0.000644	0.009552013	22	0.1	S(1): 13.8; S(2): 13.8; T(10): 13.8; S(17): 13.8; S(20): 13.8; S(24): 13.8; S(27): 13.8; S(30): 2.9; T(31): 0.8	
	EFDQKNDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNI	3	1	1	AT5G52310.1	N11(Deamidated)	3410.56997	0.001584	0.04303984				
	GRPGYGEASEEDKFPAR	1	1	1	AT5G52310.1	S9(Phospho)	1945.84146	0.001813	0.0521044	50	1.0	Y(5): 0.6; S(9): 99.4	
	EFDQDFDSVLGKDSPAKFPGESGVVFPVGI	1	1	1	AT5G52310.1	Q4(Deamidated)	4233.98794	0.002214	0.04876199				
	DDFEETRDEK	4	1	1	AT5G52310.1		1283.53569	0.002582	0.07306938				
	SHEFDLK	12	3	2	AT5G52300.2;AT5G52310.1		875.42455	0.002658	0.09000046				
	LQIGGEEEKKETTTK	8	1	1	AT5G52310.1		1690.88028	0.002845	0.06851789				
	DEFKESR	4	1	1	AT5G52310.1		910.42418	0.003256	0.08758231				
	RDVPIHHPLSELSDR	8	1	1	AT5G52310.1	S10(Phospho)	1850.89048	0.00397	0.1225437	20	0.5	S(10): 50.0; S(13): 50.0	
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	3	1	1	AT5G52310.1	N3(Deamidated); Q27(Deamidated)	3188.54221	0.007339	0.2106191				
	GEDKSVSGRDYVAEK	4	1	1	AT5G52310.1		1639.79404	0.02659	0.5316008				
	LQIGGEEEKK	8	1	1	AT5G52310.1		1130.60198	0.033922	0.645669				
ATSG04430.1	binding to TOMV RNA 1L (long form)	76.04	2	20	20		593						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ISPLDNTPYGLSDR	24	2	1	AT5G04430.1		1597.78203	0	7.90637E-07				
	FLVSNAAAGSVIGK	24	2	1	AT5G04430.1		1333.74590	0	3.03639E-07				
	NIMEITQMTGAR	16	2	1	AT5G04430.1		1364.66374	0	2.64887E-05				
	EVVNGLELLDK	24	2	1	AT5G04430.1		1341.76250	0	6.13786E-06				
	LHSELHAEDGNEVEPR	52	2	1	AT5G04430.1		1831.85344	0	1.09006E-07				
	NIMEITQMTGAR	6	2	1	AT5G04430.1	M3(Oxidation)	1380.65935	0	3.37325E-05				
	LVTLSGTFEEQMR	24	2	1	AT5G04430.1		1510.75554	0	5.59262E-06				
	IRLVVPNSSCGGIIGK	24	2	1	AT5G04430.1	C10(Carbamidomethyl)	1669.93906	0	1.77969E-05				
	AIQQAETMIK	5	2	1	AT5G04430.1	M8(Oxidation)	1148.59453	0	5.55431E-06				
	AIQQAETMIK	12	2	1	AT5G04430.1		1132.60198	0	0.000494106				

	AIDLILAK	8	2	1	AT5G04430.1			856.54991	0	0.000114054				
	NQEFFPGTTDR	24	2	1	AT5G04430.1			1311.59465	0	4.06419E-05				
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	56	2	1	AT5G04430.1			2346.10090	0	2.97895E-06				
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	105	2	1	AT5G04430.1	S8(Phospho)		2426.06943	0	5.61157E-05	58	0.1	S(2): 89.4; S(8): 5.3; S(9): 5.3; S(13): 0.0; T(18): 0.0	
	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	37	2	1	AT5G04430.1	S1(Phospho)		2269.96469	0	2.26222E-06	33	1.0	S(1): 95.2; S(7): 2.2; S(8): 2.2; S(12): 0.4; T(17): 0.1	
	RSPEPHDSSEADSAEKPTHIR	37	2	1	AT5G04430.1	S2(Phospho); S8(Phospho)		2506.03141	0	9.55055E-06	44	0.5	S(2): 95.5; S(8): 52.2; S(9): 52.2; S(13): 0.1; T(18): 0.0	
	IIMISGSIK	20	2	1	AT5G04430.1			961.57414	0	0.001333527				
	MESTESYAAGSPEELAK	2	2	1	AT5G04430.1	N-Term(Acetyl)		1841.80474	0	1.70829E-05				
	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	18	2	1	AT5G04430.1	S1(Phospho); S8(Phospho)		2349.93564	0	0.007713913	16	0.3	S(1): 58.2; S(7): 58.2; S(8): 62.7; S(12): 13.1; T(17): 7.9	
	FLVSNAAAGSVIGKGGSTITEFQAK	24	2	1	AT5G04430.1			2453.29447	0	3.06352E-08				
	LVTLSGTFEEQMR	4	2	1	AT5G04430.1	M12(Oxidation)		1526.75005	0	1.51608E-06				
	SPEPHDSSEADSAEKPTHIR	12	2	1	AT5G04430.1			2190.00112	0	9.04587E-06				
	LTEDDHYSQNVHSPYSYAAGYNSVNYAPA	8	1	1	AT5G04430.1			4332.92860	0	0.001235482				
	GGSTITEFQAK	8	2	1	AT5G04430.1			1138.57182	0	0.001987303				
	NIMEITQMTGAR	1	2	1	AT5G04430.1	M3(Oxidation); M8(Oxidation)		1396.65288	0	9.76796E-05				
	LTEDDHYSQNVHSPYSYAAGYNSVNYAPA	8	1	1	AT5G04430.1			3662.60366	0.000052	0.00059546				
	LVVPNSSCGGIIGK	4	2	1	AT5G04430.1	C8(Carbamidomethyl)		1400.75395	0.000052	0.00062726				
	ISDRGDFMSGTTDRK	2	2	1	AT5G04430.1	M8(Oxidation)		1701.78238	0.000238	0.005779338				
	ISDRGDFMSGTTDRK	4	2	1	AT5G04430.1			1685.78835	0.000954	0.04067215				
AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	10.59	1	5		6		37						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	HYSEDVGEVQASQEKPVSPK	6	1	1	AT4G27430.1	S18(Phospho)		2294.02384	0	0.000180173	99	1.0	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(12): 0.0; S(18): 100.0	
	YYFSPAVSEIDISTPPATEADHSR	16	1	1	AT4G27430.1			2653.23795	0	8.95121E-07				
	KSVTFSETNMEEK	2	1	1	AT4G27430.1	M10(Oxidation)		1545.70456	0	0.000198603				
	QVDALPAVASVDDFK	4	1	1	AT4G27430.1			1574.80327	0	0.002619941				
	ELHSLPSEETAR	8	1	1	AT4G27430.1			1368.67353	0	0.000287403				
	EQDVKPTLLPWTPEIDFETNTLAQRTSR	1	1	1	AT4G27430.1	T19(Phospho); T21(Phospho); T26(Phospho)		3525.54966	0.536831	1	1	0.0	T(7): 60.0; T(12): 41.3; T(19): 41.3; T(21): 38.2; T(26): 53.0; S(27): 66.3	
AT1G56220.4	Dormancy/auxin associated family pro	52.29	4	4		4		141						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SYGEDSLPEEAVK	8	4	1	AT1G56220.4			1423.65801	0	2.84156E-06				
	GLLDHLWDDTVAGPRPENGLGK	20	4	1	AT1G56220.4			2360.18882	0	6.92982E-07				
	KHHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	40	4	1	AT1G56220.4			2403.11172	0	0.000421109				
	HHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	40	4	1	AT1G56220.4			2275.01772	0	0.001841877				
	HHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	16	4	1	AT1G56220.4	S5(Phospho)		2354.98525	0	7.29063E-05	36	0.6	T(3): 13.7; S(5): 57.9; S(9): 13.7; S(10): 13.7; S(15): 1.1; S(19): 0.1	
	KHHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	16	4	1	AT1G56220.4	T4(Phospho)		2483.08193	0	2.0249E-05	20	0.5	T(4): 54.5; S(6): 19.8; S(10): 8.1; S(11): 8.1; S(16): 8.1; S(20): 1.2	
	KHHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	1	4	1	AT1G56220.4	N13(Deamidated)		2404.10868	0.071016	0.7430112				
AT1G70730.1	Phosphoglucomutase/phosphomanno	59.66	3	17		25		435						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	YNMENGGPAPESITDK	5	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	M3(Oxidation)		1738.75542	0	9.68332E-09				
	YNMENGGPAPESITDK	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1722.76384	0	4.0864E-09				
	FFVTPSDSVAIIAANAVGAIPYFSSGLKGVA	76	3	1	AT1G70730.1			3225.72141	0	2.73681E-09				
	FFVTPSDSVAIIAANAVGAIPYFSSGLK	64	3	1	AT1G70730.1			2842.48711	0	1.0069E-05				
	IFVEELGAPESSLLNCVPK	8	3	1	AT1G70730.1	C16(Carbamidomethyl)		2102.07915	0	1.32907E-05				
	VSLVSTSPIDGQKPGTSGLR	32	2	1	AT1G70730.1			1999.07732	0	3.45536E-08				
	VFKQPNYLENFVQATFNALTTEK	20	3	1	AT1G70730.1			2702.37229	0	2.872E-08				
	VDISTIGITSFEGPEGK	8	3	1	AT1G70730.1			1749.88640	0	1.73031E-06				
	GIHPEVANVASADEFEYKDPVDGSVSK	32	3	1	AT1G70730.1			2860.35624	0	3.49982E-10				
	DSQDALGPLVDVALK	8	3	1	AT1G70730.1			1540.81914	0	0.000142033				
	EDFGGGHPDPNLTYAK	16	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1717.78240	0	5.80519E-05				
	LVTVEDIVR	8	3	1	AT1G70730.1			1043.60906	0	0.001076341				
	LSGTGSEGATIR	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1148.58684	0	6.49905E-06				
	SMPTSAALDVVAK	4	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	M2(Oxidation)		1305.67156	0	0.000111899				
	VSFKVSLVSTSPIDGQKPGTSGLR	20	1	1	AT1G70730.1			2460.34220	0	4.77714E-06				
	RVWVGQNSLLSTPAVSAIIR	8	3	1	AT1G70730.1			2167.23227	0	0.00024439				
	FTFCYDALHGVAGAYAHR	12	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	C4(Carbamidomethyl)		2055.94956	0	2.74788E-08				
	VKVFKQPNYLENFVQATFNALTTEK	16	3	1	AT1G70730.1			2929.54848	0	0.000149346				
	VKGATLVVSGDGR	12	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1258.70818	0	7.45313E-07				
	ATGAFILTASHNPGGPTEDFGIK	11	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	T8(Phospho)		2381.10843	0	0.001074783	53	0.9	T(2): 0.4; T(8): 86.4; S(10): 13.2; T(17): 0.0	
	FFVTPSDSVAIIAANAVGAIPYFSSGLK	1	3	1	AT1G70730.1	N15(Deamidated)		2843.50503	0	2.87219E-06				
	TDDAGGEPPEFGAAADGDADR	16	3	1	AT1G70730.1			2033.83098	0	5.44156E-10				
	ATGAFILTASHNPGGPTEDFGIK	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			2301.15030	0	2.50593E-08				
	FFVTPSDSVAIIAANAVGAIPYFSSGLKGVA	3	3	1	AT1G70730.1	N15(Deamidated)		3226.71531	0	2.72224E-07				
	RFFVTPSDSVAIIAANAVGAIPYFSSGLKGV	2	3	1	AT1G70730.1	N16(Deamidated)		3382.81972	0	0.000131538				
	ELMGLLYK	8	3	1	AT1G70730.1			902.53813	0.000278	0.003563992				
	VKVFKQPNYLENFVQATFNALTTEK	8	3	1	AT1G70730.1	Q6(Deamidated)		2930.54629	0.000322	0.008431725				
	GIHPEVANVASADEFEYKDPVDGSVSKHQ	1	3	1	AT1G70730.1	Q29(Deamidated)		3452.67042	0.000376	0.004969796				
	SIFDFESIKK	8	3	1	AT1G70730.1			1213.64701	0.000506	0.01462261				
	SMPTSAALDVVAKNLGLK	4	3	1	AT1G70730.1			1815.01114						
AT1G23190.1	Phosphoglucomutase/phosphomanno	48.89	1	15		22		439						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	YNMENGGPAPESITDK	5	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	M3(Oxidation)		1738.75542	0	9.68332E-09				
	YNMENGGPAPESITDK	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1722.76384	0	4.0864E-09				
	FFVTPSDSVAIIAANAIGAIPYFSSGLK	44	1	1	AT1G23190.1			2856.51285	0	2.8433E-08				
	ESQEALSPLVDLALK	8	1	1	AT1G23190.1			1612.87529	0	2.3882E-06				
	VFKQPNYLENFVQATFNALTAEK	52	1	1	AT1G23190.1			2672.36936	0	6.49157E-08				
	EDFGGGHPDPNLTYAK	16	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1717.78240	0	5.80519E-05				
	LSGTGSEGATIR	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1148.58684	0	6.49905E-06				
	SMPTSAALDVVAK	4	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	M2(Oxidation)		1305.67156	0	0.000111899				
	NTLLSTPAVSAVIR	16	1	1	AT1G23190.1			1441.83611	0	0.000846507				
	VSTVSTSPIDGQKPGTSGLR	28	1	1	AT1G23190.1			1987.04192	0	1.84207E-08				
	VFKVSTVSTSPIDGQKPGTSGLR	32	1	1	AT1G23190.1			2361.27431	0	9.05386E-08				
	IFVEELGAQESALLNCTPK	4	1	1	AT1G23190.1	C16(Carbamidomethyl)		2119.06894	0	0.00018403				
	FTFCYDALHGVAGAYAHR	12	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	C4(Carbamidomethyl)		2055.94956	0	2.74788E-08				
	VKGATLVVSGDGR	12	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			1258.70818	0	7.45313E-07				
	ATGAFILTASHNPGGPTEDFGIK	11	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1	T8(Phospho)		2381.10843	0	0.001074783	53	0.9	T(2): 0.4; T(8): 86.4; S(10): 13.2; T(17): 0.0	
	FFVTPSDSVAIIAANAIGAIPYFSSGLKGVAF	8	1	1	AT1G23190.1	N15(Deamidated)		3240.75071	0	3.40506E-10				
	SDTGGEPPEFGAAADGDADR	4	1	1	AT1G23190.1			1934.79912	0	5.34586E-09				
	FFVTPSDSVAIIAANAIGAIPYFSSGLKGVAF	60	1	1	AT1G23190.1			3239.74399	0	7.33661E-08				
	ATGAFILTASHNPGGPTEDFGIK	8	4	2	AT1G70730.1;AT1G23190.1			2301.15030	0	2.50593E-08				
	VKVFKQPNYLENFVQATFNALTAEK	40	1	1	AT1G23190.1			2899.52762	0	1.02683E-07				
	VKVFKQPNYLENFVQATFNALTAEK	20	1	1	AT1G23190.1	N12(Deamidated)		2900.52170	0	0.000769483				
	RVWVGKNTLLSTPAVSAVIR	4	1	1	AT1G23190.1			2167.26870	0	0.001615825				
	ESQEALSPLVDLALKLSK	4	1	1	AT1G23190.1			1941.08786	0	0.002874084				
	FFVTPSDSVAIIAANAIGAIPYFSSGLK	1	1	1	AT1G23190.1	N15(Deamidated)		2857.50711	0	0.000241411				
	VFKQPNYLENFVQATFNALTAEK	10	1	1	AT1G23190.1	N10(Deamidated)		2673.37424	0	0.001040668				

	LVSVEDIVR	8	1	1	AT1G23190.1			1029.59282	0.000098	0.002953876			
	QPNYLENFVQATFNALTAEK	4	1	1	AT1G23190.1			2298.13657	0.000098	0.002807974			
	DAVQIIIK	8	1	1	AT1G23190.1			899.55681	0.000143	0.005855402			
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	21.81	2	12		13		178					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SNAELEPSVLDPR	8	1	1	AT1G37130.1			1426.71550	0	2.48657E-06			
	KGGALNVCFEGSEDLPGGAGTAGSK	8	1	1	AT1G37130.1		C8(Carbamidomethyl)	2379.12265	0	1.72373E-07			
	AHQNQTTNQTVFLKPAK	32	1	1	AT1G37130.1			1926.01609	0	3.5577E-06			
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	40	1	1	AT1G37130.1			2440.25112	0	1.05382E-07			
	LTGKHPFNSEAPLNR	12	1	1	AT1G37130.1			1680.87778	0	2.89653E-06			
	LMHHGFITPVPLHYVR	2	2	1	AT1G37130.1		M2(Oxidation)	1933.02602	0	3.33505E-06			
	LMHHGFITPVPLHYVR	8	2	1	AT1G37130.1			1917.02981	0	0.00033949			
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	3	1	1	AT1G37130.1		S1(Phospho)	2520.22378	0	3.04182E-05	25	0.1	S(1): 11.9; S(3): 11.9; T(11): 11.9; T(12): 52.2; T(15): 11.9
	FLMDHPGGSDSILINAGTDCTEEFEAIHSDI	3	1	1	AT1G37130.1		M3(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	3422.51430	0	6.08358E-06			
	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	12	1	1	AT1G37130.1		S9(Phospho)	2991.13694	0	1.95268E-09	83	0.9	S(9): 86.8; S(10): 13.2; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0
	LEPGLNGVVR	16	1	1	AT1G37130.1			1053.60576	0	0.000338432			
	SYKPPVPGRSDSPK	16	1	1	AT1G37130.1			1514.78940	0	0.004398037			
	DEYTADSWIER	4	1	1	AT1G37130.1			1384.59343	0.000143	0.008015083			
	AKVPVQLVEK	12	1	1	AT1G37130.1			1110.68633	0.000338	0.01086025			
	FLMDHPGGSDSILINAGTDCTEEFEAIHSDI	1	1	1	AT1G37130.1		N15(Deamidated); C20(Carbamidomethyl)	3407.51455	0.000527	0.01533098			
	GYAYSGGGKKVTR	1	1	1	AT1G37130.1		S5(Phospho)	1423.66997			13	0.3	Y(2): 31.5; Y(4): 31.5; S(5): 31.5; T(12): 5.5
AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sensitive fac	36.00	1	7		7		102					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DSGGIENQSVQELEGYAVYK	24	1	1	AT5G61210.1			2186.02056	0	1.48476E-09			
	TLVMLHDQGEQITR	16	1	1	AT5G61210.1			1640.84159	0	1.58832E-05			
	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSKR	17	1	1	AT5G61210.1		S9(Phospho)	2795.21889	0	2.94277E-11	43	1.0	S(1): 0.9; S(2): 0.9; S(9): 97.1; S(13): 0.9; T(18): 0.2; S(22): 0.0
	THHKAVEIDHDLSR	28	1	1	AT5G61210.1			1657.83657	0	0.000185887			
	DSGGIENQSVQELEGYAVYK	3	1	1	AT5G61210.1		Q11(Deamidated)	2187.01958	0	4.18206E-06			
	AKQDDGLSDLSDILGELK	8	1	1	AT5G61210.1			1916.97818	0	1.36778E-05			
	VQKGDSSSSKQSLFSNSK	4	1	1	AT5G61210.1			1913.95180	0.000806	0.01809527			
	SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSK	2	1	1	AT5G61210.1		S13(Phospho)	2639.10903	0.011263	0.2284311	7	0.1	S(1): 10.8; S(2): 10.8; S(9): 58.9; S(13): 10.8; T(18): 5.8; S(22): 2.8
AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-cor	8.85	2	3		3		32					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IDEGEANNLNLAGDGSGAVDHDYLTK	8	2	1	AT2G17410.2			2688.23252	0	3.63924E-06			
	LEDRPSEHLSETSMNVEK	4	2	1	AT2G17410.2			2100.98398	0	0.000359749			
	HSEENQSPHHHANNVMEQDQAAEER	9	2	1	AT2G17410.2		S2(Phospho)	3004.19179	0	0.000111394	60	1.0	S(2): 97.1; S(7): 2.9
	HSEENQSPHHHANNVMEQDQAAEER	8	2	1	AT2G17410.2			2924.22622	0.000052	0.00158384			
	LEDRPSEHLSETSMNVEK	1	2	1	AT2G17410.2		N15(Deamidated)	2101.97971	0.000059	0.000702804			
	LEDRPSEHLSETSMNVEK	2	2	1	AT2G17410.2		M14(Oxidation)	2116.97477	0.000415	0.01100695			
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	32.81	1	9		10		177					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VQILALYALETLSK	8	2	2	AT1G21380.1;AT1G76970.1			1561.92168	0	1.43637E-08			
	ILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNEL	16	1	1	AT1G21380.1			3465.68113	0	1.34458E-08			
	FPQYYNAYNELR	8	1	1	AT1G21380.1			1577.73894	0	0.000115081			
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLG(	52	1	1	AT1G21380.1			3664.69472	0	5.37283E-07			
	KDDKPEDILFK	8	1	1	AT1G21380.1			1347.71491	0	6.78502E-06			
	NLSLNPTASAAPVTPPK	16	1	1	AT1G21380.1			1677.91277	0	2.34641E-07			
	DLMDFAK	16	1	1	AT1G21380.1			839.39623	0	0.001056223			
	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	24	1	1	AT1G21380.1		S1(Phospho)	3471.60715	0	0.000240623	58	0.8	S(1): 77.3; T(8): 10.5; Y(12): 10.5; T(15): 1.6; T(25): 0.0
	ILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNEL	4	1	1	AT1G21380.1		Q9(Deamidated)	3466.69114	0	4.28519E-07			
	VMALVNTTSDEELMCQGLALNDNLQR	5	1	1	AT1G21380.1		C15(Carbamidomethyl); N21(Deamidated)	2936.38840	0	8.77523E-05			
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	16	1	1	AT1G21380.1			3006.60678	0	6.97735E-07			
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	4	1	1	AT1G21380.1		N5(Deamidated)	3007.61258	0.001211	0.02388947			
AT2G45290.1	Transketolase	19.30	1	1		15		356					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VTTTIGYGSPNKANSYSVHGAALGEK	44	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			2622.31035	0	6.20697E-09			
	ANSYSVHGAALGEK	48	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1403.68755	0	5.11613E-07			
	VTTTIGYGSPNK	20	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1237.63933	0	1.23777E-05			
	NLSQQCLNALAK	52	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1		C6(Carbamidomethyl)	1359.70659	0	7.98057E-06			
	FEALGWHVIWVK	20	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1484.80327	0	1.09506E-05			
	FLAIDAVEK	32	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1005.56114	0	0.001786154			
	YNPKNPYWFNR	20	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1498.72391	0	0.000118356			
	TPGHPEMFETPGVEATTGPLGQGIANAVG	8	1	1	AT2G45290.1		T17(Phospho)	3523.73426	0	0.000175259	6	0.3	T(1): 29.4; T(10): 11.9; T(16): 29.4; T(17): 29.4
	NLSQQCLNALAK	30	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1		N1(Deamidated); C6(Carbamidomethyl)	1360.68767	0	2.20244E-05			
	FLAIDAVEKAK	20	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1204.69219	0	0.000295071			
	AFGNFQKATPEER	8	1	1	AT2G45290.1		N4(Deamidated)	1495.71430	0	0.00197891			
	NPYWFNR	8	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			996.46971	0.000052	0.00130146			
	ESVLPSDVSAR	8	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1159.59355	0.000143	0.007257689			
	AFGNFQK	10	1	1	AT2G45290.1		N4(Deamidated)	812.39348	0.000414	0.0142416			
	NPYWFNRDR	4	3	2	AT2G45290.1;AT3G60750.1			1267.59647	0.00225	0.08395918			
	KYPEEAAELK	24	1	1	AT2G45290.1			1177.60991					
AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	29.73	2	6		6		68					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DNESLAPIFTPAR	8	2	1	AT5G16880.1			1430.72466	0	0.000416663			
	IIETAGENEALLFEALNVNDELVK	16	1	1	AT5G16880.1			2644.38095	0	1.2309E-07			
	NSIELLSTVLSSSPQHDALQDDLTTTLVQQ(	12	2	1	AT5G16880.1		C31(Carbamidomethyl)	3569.77512	0	2.83056E-07			
	LIDDPQTVVNNR	8	2	1	AT5G16880.1			1383.71990	0	0.00015401			
	YEEMNKPSAPLTSHEPAMIPVAEEPDDSPI	4	1	1	AT5G16880.1		S28(Phospho)	3724.65908	0	1.46417E-05	23	1.0	Y(1): 0.5; S(8): 0.7; T(12): 0.9; S(13): 1.2; S(28): 96.7
	NSIELLSTVLSSSPQHDALQDDLTTTLVQQ(	15	2	1	AT5G16880.1		Q20(Deamidated); C31(Carbamidomethyl)	3570.75986	0	5.89053E-05			
	GIRFPGRDNESLAPIFTPAR	4	2	1	AT5G16880.1			2214.17690	0.006571	0.1817884			
	NSIELLSTVLSSSPQHDALQDDLTTTLVQQ(	1	2	1	AT5G16880.1		N1(Deamidated); Q15(Deamidated); C31(Carbamidomethyl)	3571.75489	0.504839	1			
AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thi	82.79	1	20		21		386					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDC	24	1	1	AT4G15545.1			3861.78183	0	1.09553E-11			
	VSALESESSDLR	8	1	1	AT4G15545.1			1292.63249	0	3.92102E-09			
	TLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDC	14	1	1	AT4G15545.1		M3(Oxidation)	3877.75888	0	4.2529E-09			
	LSYEQFGAFLGNVK	28	1	1	AT4G15545.1			1572.80144	0	7.19346E-08			
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARK	12	1	1	AT4G15545.1			2871.47531	0	7.78976E-06			
	EFEELQSHVESLEASLSDAFHK	8	1	1	AT4G15545.1			2532.18930	0	1.3436E-09			
	SRLSYEQFGAFLGNVK	32	1	1	AT4G15545.1			1815.93674	0	1.07935E-07			
	EKEFEELQSHVESLEASLSDAFHK	24	1	1	AT4G15545.1			2789.32047	0	7.69735E-09			
	LSLADGEKENLIR	8	1	1	AT4G15545.1			1457.79636	0	0.000220696			
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVAR	36	1	1	AT4G15545.1			2743.37766	0	1.6987E-05			
	KITSIALSTR	12	1	1	AT4G15545.1			1089.66069	0	0.000116958			
	SSISISEPGSQTAR	24	1	1	AT4G15545.1			1419.70427	0	9.769SE-05			

	KAEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	12	1	1	AT4G15545.1			2655.37417	0	3.62747E-06			
	RHSVSFATTR	16	1	1	AT4G15545.1			1161.60942	0	0.005287187			
	SEIEEEEEEGSASAITGSR	4	1	1	AT4G15545.1	N-Term(Acetyl)		2051.88872	0	2.91256E-11			
	TLMMSLQDDDQNAGTTQIIAKPTPNDDC	18	1	1	AT4G15545.1	Q17(Deamidated)		3862.78628	0	1.11232E-06			
	EFEELQSHVESLEASLSDAFHK	1	1	1	AT4G15545.1	Q6(Deamidated)		2533.18155	0	6.395E-08			
	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLS	11	1	1	AT4G15545.1	T41(Phospho)		4554.15151	0	0.00011821	13	0.4	S(2): 2.0; S(3): 2.0; S(6): 2.0; S(10): 2.0; T(18): 2.0; S(28): 2.0; S(30): 2.0; S(32): 2.0; S(37): 13.3; T(39): 13.3; T(40): 13.3; T(41): 43.8
	LTPPGSPPILSASGTPK	3	1	1	AT4G15545.1	T2(Phospho); S6(Phospho)		1779.83086	0	0.001517897	72	1.0	T(2): 100.0; S(6): 99.9; S(11): 0.1; S(13): 0.0; T(15): 0.0
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	24	1	1	AT4G15545.1			2527.27933	0	5.51577E-05			
	DLYVIFEGLITR	16	1	1	AT4G15545.1			1438.79131	0	4.77486E-07			
	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLS	4	1	1	AT4G15545.1			4474.20131	0.000052	0.001702962			
	DVSKLEGFRK	16	1	1	AT4G15545.1			1178.64922	0.000519	0.009014147			
	LTPPGSPPILSASGTPK	12	1	1	AT4G15545.1	S6(Phospho)		1699.86406	0.000865	0.01475848	50	1.0	T(2): 0.1; S(6): 98.0; S(11): 0.6; S(13): 0.6; T(15): 0.6
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVAR	1	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated); Q19(Deamidated)		2745.36856	0.001231	0.02727376			
	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLS	6	1	1	AT4G15545.1	N20(Deamidated)		4475.20083	0.001309	0.02555539			
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARK	2	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated)		2872.46683	0.001584	0.04733418			
	KAEEIFGGDNR	4	1	1	AT4G15545.1			1235.59952	0.001719	0.05459251			
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	1	1	1	AT4G15545.1	N9(Deamidated)		2528.28000	0.015769	0.2837392			
	LTPPGSPPILSASGTPK	4	1	1	AT4G15545.1			1619.89922	0.019924	0.5418339			
	LSYEQFGAFLGNVKDLNAHKQTR	1	1	1	AT4G15545.1	T22(Phospho)		2716.30881	0.085049	0.9474106	19	1.0	S(2): 1.6; Y(3): 1.6; T(22): 96.7
AT1G01100.1	60S acidic ribosomal protein family	95.54	2	4		8		143					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	52	1	1	AT1G01100.1			3302.65190	0	3.62392E-08			
	AAGVSIESYWPMLFAK	20	2	1	AT1G01100.1			1769.89153	0	1.38974E-05			
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	8	1	1	AT1G01100.1	M7(Oxidation)		3318.63681	0	1.04129E-09			
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAA	28	1	1	AT1G01100.1			3458.74509	0	5.30159E-08			
	AAGVSIESYWPMLFAK	2	2	1	AT1G01100.1	M12(Oxidation)		1785.88786	0	2.99102E-06			
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	8	1	1	AT1G01100.1			3430.73398	0	1.4191E-14			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	6	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)		2798.34592	0	3.65241E-09			
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	9	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	S9(Phospho)		2148.89726	0	5.51523E-05	176	1.0	S(9): 100.0
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAA	2	1	1	AT1G01100.1	N9(Deamidated)		3459.73862	0.000062	0.000534403			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADKIATLVI	1	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)		3423.76755	0.000143	0.005527901			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	4	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	C8(Carbamidomethyl); S9(Phospho)		2836.31522	0.000976	0.01672018	48	0.2	S(1): 25.0; T(2): 25.0; S(9): 25.0; Y(10): 25.0; T(23): 0.0
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	2	1	1	AT1G01100.1	N8(Deamidated)		3303.64851	0.006337	0.2000633			
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAA	1	1	1	AT1G01100.1	N2(Deamidated); N9(Deamidated)		3588.82459					
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	95.58	1	3		8		109					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAA	4	1	1	AT5G47700.1			3529.76987	0	2.20217E-08			
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	52	1	1	AT5G47700.1			3373.67568	0	8.28437E-11			
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	5	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)		3389.66892	0	4.07396E-09			
	AAGVTIESYWPMLFAK	16	1	1	AT5G47700.1			1783.90837	0	4.16677E-05			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	6	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)		2798.34592	0	3.65241E-09			
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	5	1	1	AT5G47700.1	N8(Deamidated)		3374.66709	0	0.004091148			
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	9	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	S9(Phospho)		2148.89726	0	5.51523E-05	176	1.0	S(9): 100.0
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADKIATLVI	1	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)		3423.76755	0.000143	0.005527901			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	4	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	C8(Carbamidomethyl); S9(Phospho)		2836.31522	0.000976	0.01672018	48	0.2	S(1): 25.0; T(2): 25.0; S(9): 25.0; Y(10): 25.0; T(23): 0.0
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	4	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)		3645.84885					
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAG	3	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)		3517.76511					
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	36.97	1	2		3		58					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	QHEGELESSASSTYELQR	28	1	1	AT4G25890.1			2050.92607	0	1.07505E-06			
	GVFTFVCK	24	1	1	AT4G25890.1	C7(Carbamidomethyl)		957.48564	0	0.001716756			
	KKEESEEEEGDFGFDLFG	6	3	2	AT4G25890.1;AT5G57290.3	S5(Phospho)		2171.86724	0	1.91048E-05	105	1.0	S(5): 100.0
AT5G57290.3	60S acidic ribosomal protein family	37.82	3	3		4		178					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	QHEGDLEASASSTYDLQR	116	3	1	AT5G57290.3			2006.90019	0	4.75797E-09			
	QHEGDLEASASSTYDLQRK	16	3	1	AT5G57290.3			2134.99765	0	1.77479E-06			
	KKEESEEEEGDFGFDLFG	6	3	2	AT4G25890.1;AT5G57290.3	S5(Phospho)		2171.86724	0	1.91048E-05	105	1.0	S(5): 100.0
	GVFSFVCK	40	3	1	AT5G57290.3	C7(Carbamidomethyl)		943.47045	0.000053	0.001891855			
AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	6.15	2	3		4		27					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VETFDEFDPR	16	2	1	AT2G43160.3			1254.56157	0	0.000139272			
	KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSR	5	2	1	AT2G43160.3	S3(Phospho)		2391.05014	0	4.91943E-05	106	1.0	S(3): 100.0; S(12): 0.0; Y(13): 0.0; S(18): 0.0; S(20): 0.0
	GLVNFNSGSK	4	1	1	AT2G43160.3			1135.60869	0	0.005996186			
	KKSQSLVALVNDK	2	2	1	AT2G43160.3	Q4(Deamidated)		1430.82695					
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	40.56	1	15		16		196					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	EIISSDSADVVNDKPASDSNPVVTK	28	1	1	AT3G05900.1			2587.27842	0	1.81904E-07			
	HVVDEPANEEKPSESSAALSPEK	36	1	1	AT3G05900.1			2450.16739	0	2.52846E-09			
	YVVDEPSKDETTSESGSALCPEK	4	1	1	AT3G05900.1	C20(Carbamidomethyl)		2528.12748	0	3.27858E-06			
	VAEVVETAPVAK	12	1	1	AT3G05900.1			1212.68083	0	7.95414E-05			
	HVVEEPLKDEQENVSEAK	36	1	1	AT3G05900.1			2080.01548	0	8.36012E-07			
	VKDVEALEVEPKPETSEK	12	1	1	AT3G05900.1			2027.05149	0	7.62548E-06			
	ASDSHTPTVTTPEKPLENK	7	1	1	AT3G05900.1	N-Term(Acetyl)		2094.03055	0	1.03027E-06			
	ESPAVVEEVGAVVK	4	1	1	AT3G05900.1			1412.76323	0	0.000736648			
	HVVDEPANEEKPSESSAALSPEK	4	1	1	AT3G05900.1	S20(Phospho)		2530.13578	0	9.25173E-07	82	1.0	S(13): 0.1; S(15): 0.1; S(16): 0.1; S(20): 99.7
	LAAEDENIKKDTDTPVAEGK	16	1	1	AT3G05900.1			2144.06522	0	0.000532792			
	AITEEKHVVEEPSKDEK	16	1	1	AT3G05900.1			1967.98642	0	0.001195087			
	EETEGDAAAPADVIEK	8	1	1	AT3G05900.1			1644.75896	0	3.21562E-07			
	ASDSHTPTVTTPEKPLENKVSEEAK	2	1	1	AT3G05900.1	N-Term(Acetyl)		2737.34243	0	3.93228E-05			
	KETEEDVSSPADIIEK	4	1	1	AT3G05900.1			1789.86747	0	2.0586E-05			
	ELETEVEVVK	4	1	1	AT3G05900.1			1174.62004	0.000246	0.005360154			
	QVESVDVQSVRDVSAEIAEEKVK	1	1	1	AT3G05900.1	Q1(Deamidated)		2545.30092	0.021816	0.3640989			
	EAPAKQKHSNSIISK	2	1	1	AT3G05900.1	S9(Phospho)		1717.87187			28	0.9	S(9): 91.9; S(11): 7.5; S(14): 0.6
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	64.32	1	19		20		389					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GITFACVNSVSEGK	24	1	1	AT1G52380.1	C6(Carbamidomethyl)		1468.70745	0	7.93863E-05			
	RKEPSAAPVAASNPFAGIQLVPTTAPASTP	40	1	1	AT1G52380.1			4014.13173	0	0.002518123			
	LILNASLYPEMK	20	1	1	AT1G52380.1			1391.75969	0	3.39298E-06			
	VAIDKHKDSKPMEK	32	1	1	AT1G52380.1			1625.86319	0	0.00020596			
	NGDNGAFSSFQQHSSNK	20	1	1	AT1G52380.1			1824.78568	0	1.95589E-05			
	FKDPTIVEEFR	24	1	1	AT1G52380.1			1380.71491	0	0.000854819			
	SALPLKTPENSPTATDT	20	1	1	AT1G52380.1			1742.87663	0	3.14937E-06			
	DNPGLDDDDSAELESGTFKK	24	1	1	AT1G52380.1			2267.97525	0	0.000895106			
	EGLSTFALK	24	1	1	AT1G52380.1			965.52873	0	0.00518794			
	EGNGIEEADKNGDNGAFSSFQQHSSNK	6	1	1	AT1G52380.1	Q21(Deamidated)		2868.24332	0	8.18588E-09			

	EKEGNGIEEADKNGDNGAFSSFQQHSSNK	6	1	1	AT1G52380.1	N16(Deamidated)	3125.37661	0	4.82932E-05			
	SADVQVAATEVAQMVSCDTNVCNNAVEK	6	1	1	AT1G52380.1	Q13(Deamidated); C17(Carbamidomethyl); C22(Carbamidomethyl)	4114.83432	0	0.000172324			
	DNPGLDDDDDSAELESGTFK	12	1	1	AT1G52380.1		2139.88066	0	5.30329E-11			
	LAPAEAVVEDNQK	16	1	1	AT1G52380.1		1383.70903	0	2.32741E-07			
	LAPAEAVVEDNQKASDIEEGDEVDSK	8	1	1	AT1G52380.1	S15(Phospho)	2838.25266	0	1.78523E-06	77	1.0	S(15): 100.0; S(25): 0.0
	SADVQVAATEVAQMVSCDTNVCNNAVEK	20	1	1	AT1G52380.1	Q13(Deamidated); C17(Carbamidomethyl); C22(Carbamidomethyl); N23(Deamidated)	4115.82383	0	2.00246E-06			
	GKGELKVNVSSNDGK	20	1	1	AT1G52380.1		1531.80869	0	0.001407343			
	SADVQVAATEVAQMVSCDTNVCNNAVEK	8	1	1	AT1G52380.1	C17(Carbamidomethyl); C22(Carbamidomethyl)	4113.82102	0	2.16507E-06			
	LILNASLYPEMK	2	1	1	AT1G52380.1	M11(Oxidation)	1407.75298	0	1.53692E-05			
	SEGSGFPPKQEVSTETGEENEK	24	1	1	AT1G52380.1		2366.06046	0	2.83368E-08			
	EKEGNGIEEADKNGDNGAFSSFQQHSSNK	8	1	1	AT1G52380.1		3124.37197	0	0.00249538			
	KGITFACVNSVSEGK	8	1	1	AT1G52380.1	C7(Carbamidomethyl)	1596.80252	0	0.001540404			
	KEPSAAPVAASNPFAGIQLVPTTAPASTPV	4	1	1	AT1G52380.1		3858.01535	0	4.48504E-05			
	LAPAEAVVEDNQK	2	1	1	AT1G52380.1	N11(Deamidated)	1384.69609	0	0.00590351			
	RKEPSAAPVAASNPFAGIQLVPTTAPASTP	3	1	1	AT1G52380.1	N13(Deamidated)	4015.13441	0.000218	0.00865335			
	DNPGLDDDDDSAELESGTFKK	1	1	1	AT1G52380.1	N2(Deamidated)	2268.97574	0.000694	0.02116401			
	EGNGIEEADKNGDNGAFSSFQQHSSNK	4	1	1	AT1G52380.1		2867.24282	0.001554	0.04483157			
	SALPLKTPENSPTATDT	1	1	1	AT1G52380.1	N10(Deamidated)	1743.87236	0.012038	0.2619225			
	EKEGNGIEEADKNGDNGAFSSFQQHSSNK	1	1	1	AT1G52380.1	N16(Deamidated); N28(Deamidated)	3126.36732	0.050203	0.8015166			
	GDSENVQQPSKKR	1	1	1	AT1G52380.1	Q7(Deamidated)	1473.72452					
AT3G57410.1	villin 3	35.75	1	20		25	413					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AAALAALTSAFNSSSGR	24	1	1	AT3G57410.1		1594.81609	0	2.80586E-07			
	AAAVAALSQVLTAEK	44	1	1	AT3G57410.1		1442.81999	0	2.64953E-07			
	IYQFNGANSNIQER	16	2	2	AT2G41740.1;AT3G57410.1		1653.78887	0	1.06887E-06			
	AFSEVEATEEATEAK	24	1	1	AT3G57410.1		1611.73735	0	8.27799E-16			
	AALLLGTHHVVEDQSSSGNQGPR	16	1	1	AT3G57410.1		2373.18912	0	5.50811E-08			
	EAYLSEVEFK	24	1	1	AT3G57410.1		1214.59307	0	0.000409319			
	EEEEVSPAAEASAEEAKPK	44	1	1	AT3G57410.1		2000.92656	0	1.26251E-09			
	KTAIQAAEDFVASENRPK	8	1	1	AT3G57410.1		1975.02958	0	3.53108E-08			
	KAALLLGTHHVVEDQSSSGNQGPR	8	1	1	AT3G57410.1		2501.27749	0	0.000254465			
	EIQGHESDKFLSYFKPCIIPLEGGVASGFK	16	2	2	AT2G41740.1;AT3G57410.1	C17(Carbamidomethyl)	3353.68154	0	6.76958E-05			
	SEKPVTGIDFK	40	1	1	AT3G57410.1		1220.65189	0	0.000142519			
	VIQGYEPHSFK	16	1	1	AT3G57410.1		1304.66242	0	0.000934724			
	IFEGKEPPQFVALFQHMVVLK	4	1	1	AT3G57410.1		2457.33047	0	1.56775E-05			
	AAAVAALSQVLTAEKK	20	1	1	AT3G57410.1		1570.91361	0	9.60867E-05			
	GSSGETYTPESIALIQVSGTGVHNNK	8	1	1	AT3G57410.1		2646.29551	0	0.000327892			
	AEALAALTSAFNSSPSSKSPPRR	27	1	1	AT3G57410.1	S19(Phospho)	2425.18265	0	2.06252E-06	33	0.1	T(8): 0.4; S(9): 3.5; S(13): 12.2; S(14): 47.4; S(16): 12.2; S(17): 12.2; S(19): 12.2
	TVELDAALGGR	4	3	2	AT4G30160.1;AT3G57410.1		1101.59026	0	0.002934488			
	QDDSEVETTGVTFTYER	8	1	1	AT3G57410.1		1976.86760	0	2.97066E-08			
	ESFYKLPGWKQDLLK	8	1	1	AT3G57410.1		1851.99881	0	0.000170031			
	AEALAALTSAFNSSPSSKSPPR	14	1	1	AT3G57410.1	S17(Phospho)	2269.07975	0	1.86407E-07	57	0.7	T(8): 1.5; S(9): 1.5; S(13): 1.5; S(14): 1.5; S(16): 10.0; S(17): 73.8; S(19): 10.0
	IENFEPVPVPK	8	1	1	AT3G57410.1		1268.68706	0.000052	0.000843503			
	GKVAALLK	20	2	2	AT2G41740.1;AT3G57410.1		799.53911	0.000098	0.002914144			
	AEALAALTSAFNSSPSSK	4	1	1	AT3G57410.1		1751.88872	0.000246	0.006126731			
	VAEFLKPGTTIK	4	1	1	AT3G57410.1		1303.76090	0.001648	0.03818032			
	KVASEDEIIPETTPPK	4	1	1	AT3G57410.1		1753.91800					
AT3G15040.1	Protein of unknown function, DUF584	57.20	1	6		6	63					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LTDVVDDDEEEEEGEMLPPHEIVAR	36	1	1	AT3G15040.1		2866.27970	0	1.9679E-11			
	LDFSSPSSLATISDSADGELNEDDIFAIDISK	2	1	1	AT3G15040.1	N21(Deamidated); Q36(Deamidated)	4003.87827	0	1.62289E-06			
	SLAQSSLLSCSVLEGAGR	10	1	1	AT3G15040.1	C10(Carbamidomethyl); S11(Phospho)	1914.89641	0	3.1532E-06	101	1.0	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(11): 100.0
	LDFSSPSSLATISDSADGELNEDDIFAIDISK	2	1	1	AT3G15040.1	Q36(Deamidated)	4002.88254	0	8.79751E-07			
	LPFSASFVGGGKYPQSAPVQVPLVSSAMK	5	1	1	AT3G15040.1	S16(Phospho)	3302.60337	0.00103	0.02749548	28	0.8	S(4): 2.7; S(6): 5.6; Y(13): 12.5; S(16): 78.5; S(25): 0.3; S(26): 0.3
	HSPVSSPAKQQTPAR	4	1	1	AT3G15040.1		1590.82779	0.005189	0.1345487			
	AIPTAPKPPQER	4	1	1	AT3G15040.1		1304.73027	0.014327	0.3352946			
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL a	25.10	1	4		5	59					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	FAFILFDSVKK	8	1	1	AT5G43830.1		1314.74549	0	0.000127911			
	GCFFTSSGGLR	20	2	2	AT3G22850.1;AT5G43830.1	C2(Carbamidomethyl)	1188.54473	0	0.000559473			
	SFEHPKNELKPVPR	24	1	1	AT5G43830.1		1677.90287	0	1.2847E-05			
	VDSSGDVCGATFKVDAETKR	6	1	1	AT5G43830.1	S3(Phospho); C8(Carbamidomethyl)	2221.97220	0	0.000264756	35	0.0	S(3): 3.6; S(4): 3.6; T(11): 92.8; T(18): 0.0
	MLAVFEK	1	1	1	AT5G43830.1	N-Term(Acetyl)	879.46434	0.000432	0.01194975			
AT5G55230.1	microtubule-associated proteins 65-1	29.47	2	9		9	77					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AELLQTLSDANAELSSLTMSLGDK	16	2	1	AT5G55230.1		2507.24516	0	4.71603E-12			
	AVTDTESPHLGEITCGTLLEK	12	2	1	AT5G55230.1	C15(Carbamidomethyl)	2271.11295	0	3.81229E-07			
	ETLNRPAAPTNYVAISK	28	2	1	AT5G55230.1		1844.98441	0	3.69998E-06			
	EEAASSPVSGAADHQVPASP	1	2	1	AT5G55230.1	S19(Phospho)	1986.83745	0	6.2791E-07	113	1.0	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(19): 100.0
	IMSLIDSGNVEPTELLADMDSQISK	4	2	1	AT5G55230.1		2706.31015	0.000052	0.001349537			
	KVQEQPHVEQESAFSTRPSPARPVSAKK	4	2	1	AT5G55230.1		3118.62880	0.000052	0.001195654			
	IPAMVDTLVAK	4	2	1	AT5G55230.1		1157.66033	0.000098	0.002563214			
	KLDDFQSQLQELQK	4	2	1	AT5G55230.1		1719.89646	0.000372	0.008304483			
	VREFSDVQSQIQK	4	2	1	AT5G55230.1		1563.80486	0.003638	0.1241607			
AT4G38710.1	glycine-rich protein	20.13	2	9		9	66					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	STEHSEEDAQEEEPAVEGAK	1	1	1	AT4G38710.1	Q10(Deamidated)	2172.91825	0	0.001643563			
	STEHSEEDAQEEEPAVEGAK	4	1	1	AT4G38710.1		2171.91190	0	6.48005E-05			
	DIAAAMEKPNEK	4	2	1	AT4G38710.1		1316.64897	0	0.000970166			
	KEETEGEQAVEEAK	8	2	1	AT4G38710.1		1576.73069	0	9.16445E-06			
	ERGSGGGFFESQSQSK	16	2	1	AT4G38710.1		1687.76236	0	2.30844E-05			
	TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	8	2	1	AT4G38710.1		2569.55289	0	2.57767E-06			
	KSTEHSEEDAQEEEPAVEGAK	8	1	1	AT4G38710.1		2300.00663	0	6.24361E-05			
	TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	1	2	1	AT4G38710.1	S14(Phospho)	2649.51267	0	0.000476253	22	1.0	T(1): 3.6; S(14): 96.4
	LKDIAAAMEKPNEK	4	2	1	AT4G38710.1	M8(Oxidation)	1573.82169	0.000054	0.00083423			
	KEETEGEQAVEEAKK	4	2	1	AT4G38710.1		1704.82395	0.001382	0.03684364			
	STEHSEEDAQEEEPAVEGAKK	8	1	1	AT4G38710.1		2300.00893	0.032271	0.4963278			
AT5G53620.1	unknown protein; INVOLVED IN: biolog	3.81	1	1		1	11					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	8	1	1	AT5G53620.1		2831.30898	0	7.21386E-06			
	LDSHSQNQKPEELNGQVSPDEHSGAK	3	1	1	AT5G53620.1	S18(Phospho)	2911.27382	0.000098	0.000601327	12	0.7	S(3): 6.4; S(5): 9.4; S(18): 68.2; S(23): 16.0
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	31.79	1	8		9	113					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	YLGGAAEVTAMNENGK	8	1	1	AT1G64500.1		1624.75994	0	2.56757E-09			
	AIMEQQGVVVDER	24	1	1	AT1G64500.1		1473.73528	0	1.12162E-06			

	DVSLDAGVLSELK	16	1	1	AT1G64500.1			1345.72307	0	1.19639E-05			
	ANVVADVYKPPPSSFAVFDVNAIQEPWLK	16	1	1	AT1G64500.1			3201.64414	0	0.000125215			
	SIAAQIPTTMVK	8	1	1	AT1G64500.1			1259.70427	0	0.000344279			
	SIAAQIPTTMVK	5	1	1	AT1G64500.1	M10(Oxidation)		1275.69621	0	0.000259784			
	GRYLGGAAEVTAMNENGK	8	1	1	AT1G64500.1			1837.88724	0	0.000168599			
	AIMEQQGVVVDER	4	1	1	AT1G64500.1	M3(Oxidation)		1489.72637	0	1.18896E-05			
	SVKENIFVKR	8	1	1	AT1G64500.1			1219.71393	0	0.002967154			
	KSASFHTLDELEVR	15	1	1	AT1G64500.1	S2(Phospho)		1711.80301	0.000372	0.007706783	69	0.5	S(2): 49.9; S(4): 49.9; T(7): 0.1
	CNENGLIR	1	1	1	AT1G64500.1	C1(Carbamidomethyl); N4(Deamidated)		976.44829	0.477718	1			
AT5G55160.1	small ubiquitin-like modifier 2	54.37	2	4			8	178					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	QSVDFNSIAFLFDGR	24	2	1	AT5G55160.1			1715.83574	0	2.63319E-08			
	VKGQDGNEVFFR	52	2	2	AT4G26840.1;AT5G55160.1			1395.70098	0	4.66293E-05			
	GQDGNEVFFR	28	2	2	AT4G26840.1;AT5G55160.1			1168.53606	0	0.001223751			
	LMNAYCDR	6	3	2	AT4G26840.1;AT5G55160.1	M2(Oxidation); C6(Carbamidomethyl)		1058.43669	0	0.000307234			
	QSVDFNSIAFLFDGRR	32	2	1	AT5G55160.1			1871.93900	0	0.000123209			
	SATPEEDKKPDQGAHINLK	10	2	1	AT5G55160.1	N-Term(Acetyl)		2120.05918	0	3.35985E-07			
	KPDQGAHINLK	16	2	1	AT5G55160.1			1220.67112	0	0.001060366			
	KLMNAYCDR	8	3	2	AT4G26840.1;AT5G55160.1	C7(Carbamidomethyl)		1170.53606	0	0.000463574			
	SATPEEDKKPDQGAHINLK	2	2	1	AT5G55160.1	S1(Phospho); T3(Phospho)		2237.97500	0.000487	0.007982867	31	1.0	S(1): 100.0; T(3): 100.0
AT2G24270.2	aldehyde dehydrogenase 11A3	80.44	2	24			25	462					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DSGIGSQGVTNSINLMTK	36	2	1	AT2G24270.2			1821.90019	0	1.84144E-09			
	DACIVLDDADLDLVASNIIK	24	2	1	AT2G24270.2	C3(Carbamidomethyl)		2173.10869	0	3.96679E-09			
	INSVEEGINHCNASNFGLQGCVFTK	20	2	1	AT2G24270.2	C11(Carbamidomethyl); C21(Carbamidomethyl)		2795.28476	0	1.86653E-10			
	GSEIGDFLTMHPAVNCISFTGGDTGISISK	8	2	1	AT2G24270.2	C16(Carbamidomethyl)		3111.49106	0	2.17612E-09			
	SGDLISYCAEEGVR	24	2	1	AT2G24270.2	C8(Carbamidomethyl)		1555.70281	0	2.7021E-05			
	DSGIGSQGVTNSINLMTK	5	2	1	AT2G24270.2	M16(Oxidation)		1837.90154	0	4.95911E-07			
	EIAKPAKDSVTEVVR	32	2	1	AT2G24270.2			1641.91495	0	3.34852E-06			
	IAWEEPFGPVVPVLR	8	2	1	AT2G24270.2			1708.93987	0	8.74777E-05			
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMD/	28	2	1	AT2G24270.2			3319.62815	0	0.000571894			
	VKTTVINLPTPSYSMG	12	1	1	AT2G24270.2			1707.89812	0	3.78744E-06			
	AAAILKDNKAPMAESLVK	28	2	1	AT2G24270.2			1870.04386	0	0.002606302			
	IPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	92	2	1	AT2G24270.2			2321.35527	0	2.79689E-05			
	EKGATFCQEYKR	24	2	1	AT2G24270.2	C7(Carbamidomethyl)		1516.71759	0	2.35549E-05			
	AAAILKDNKAPMAESLVK	5	2	1	AT2G24270.2	M12(Oxidation)		1886.04032	0	1.07128E-05			
	GPDHPFPQGLK	16	2	1	AT2G24270.2			1242.62592	0	0.000751958			
	AGTGLFAEILDGEVYK	12	2	1	AT2G24270.2	N-Term(Acetyl)		1724.87163	0	1.67733E-09			
	VQACTQEEVNAVMELAK	8	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl)		1919.92034	0	2.46111E-09			
	VVLVMESVADELVEK	8	2	1	AT2G24270.2			1659.88603	0	5.89453E-06			
	VKTTVINLPTPSYSMG	5	1	1	AT2G24270.2	M15(Oxidation)		1723.88933	0	8.404E-06			
	FLLSDSFPGNDR	4	2	1	AT2G24270.2			1367.65996	0	0.000320299			
	AGTGLFAEILDGEVYKYYADGEWKTSSSGK	1	2	1	AT2G24270.2	N-Term(Acetyl)		3284.54807	0	2.54223E-06			
	DACIVLDDADLDLVASNIIK	1	2	1	AT2G24270.2	C3(Carbamidomethyl); N17(Deamidated)		2174.10405	0	5.50365E-07			
	AILISDAMETGTVQINSAPARGPDHFPFQ(	3	2	1	AT2G24270.2	M8(Oxidation)		3397.72231	0	0.000322528			
	VQACTQEEVNAVMELAK	1	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl); M13(Oxidation)		1935.90801	0	5.67847E-10			
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMD/	1	2	1	AT2G24270.2	M29(Oxidation)		3335.60154	0	0.000482827			
	AILISDAMETGTVQINSAPARGPDHFPFQ(	3	2	1	AT2G24270.2	Q14(Deamidated)		3382.73183	0	0.002302217			
	YCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	8	2	1	AT2G24270.2	C2(Carbamidomethyl)		3073.71347	0.000088	0.00321297			
	LTVGPPEENSDITAVVSESSANFIEGLVMD/	4	2	1	AT2G24270.2	N9(Deamidated)		3320.62900	0.000119	0.001010052			
	IAPALIAGNSLVLKPPTQGAVSCLHMVHCF	4	2	1	AT2G24270.2	C23(Carbamidomethyl); C29(Carbamidomethyl)		3952.08923	0.000143	0.004038243			
	IPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	2	2	1	AT2G24270.2	N13(Deamidated)		2322.34551	0.00022	0.003802169			
	AILISDAMETGTVQINSAPARGPDHFPFQ(	3	2	1	AT2G24270.2	N16(Deamidated); Q29(Deamidated)		3383.71474	0.000414	0.01379303			
	AGTGLFAEILDGEVYK	3	2	1	AT2G24270.2	T3(Phospho)		1762.82077	0.000503	0.0115286	38	1.0	T(3): 100.0; Y(15): 0.0
	IAPALIAGNSLVLKPPTQGAVSCLHMVHCF	1	2	1	AT2G24270.2	Q18(Deamidated); C23(Carbamidomethyl); C29(Carbamidomethyl)		3953.10217	0.00066	0.01305574			
	SVAIMNPATR	4	2	1	AT2G24270.2			1059.55705	0.001123	0.02835731			
	TKYCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	4	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl)		3302.84682	0.001371	0.05669377			
	TKYCLTSKIPLGVVLAIPPFNYPVNLAVSK	5	2	1	AT2G24270.2	C4(Carbamidomethyl); N21(Deamidated)		3303.85317	0.007039	0.1774076			
	SVAIMNPATRK	10	2	1	AT2G24270.2	M5(Oxidation)		1203.65569	0.009771	0.3091824			
	SVAIMNPATR	1	2	1	AT2G24270.2	M5(Oxidation)		1075.56194	0.034834	0.6592544			
	GPDHPFPQGLKDSGIGSQGVTNSINLMTK	4	2	1	AT2G24270.2			3045.52895	0.159319	1			
AT1G45207.2	Remorin family protein	4.50	1	1			2	9					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GWSSERVPLR	8	1	1	AT1G45207.2	S3(Phospho)		1266.59882	0.00075	0.01489954	38	0.5	S(3): 50.0; S(4): 50.0
	TVSLDLSNVTSTSPR	1	1	1	AT1G45207.2	T12(Phospho)		1656.79094			46	0.7	T(1): 0.0; S(3): 0.0; S(7): 0.1; T(10): 2.4; S(11): 12.2; T(12): 73.0; S(13): 12.2
AT4G27320.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-li	66.92	1	14			16	501					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LNLSAVIMGSR	28	1	1	AT4G27320.1			1160.64519	0	2.18752E-06			
	LNLSAVIMGSR	5	1	1	AT4G27320.1	M8(Oxidation)		1176.63811	0	7.67678E-06			
	IAAAASDHHEHIKDE	108	1	1	AT4G27320.1			1643.77292	0	4.208E-07			
	LGSVSDYCVHHCVCPVVVVR	48	2	2	AT4G27320.1;AT5G54430.1	C8(Carbamidomethyl); C12(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)		2342.11448	0	2.08336E-06			
	IAAAASDHHEHIK	24	1	1	AT4G27320.1			1399.70322	0	0.00024208			
	YPDDRDGPAPPGNVGATR	8	1	1	AT4G27320.1			1854.86405	0	0.000244421			
	HSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	104	1	1	AT4G27320.1			2195.02768	0	2.98337E-06			
	IHIVKDHDMR	20	2	2	AT4G27320.1;AT5G54430.1			1263.65979	0	0.000249405			
	VADLAKPLKEAGFPHKIHIVK	16	1	1	AT4G27320.1			2311.36396	0	2.91892E-07			
	MNPDSDYPHLPNIK	6	1	1	AT4G27320.1	N-Term(Acetyl)		1682.78386	0	3.16503E-07			
	DGPAPPGNVGATR	20	1	1	AT4G27320.1			1208.59905	0	0.000170202			
	ERLCLETER	24	1	1	AT4G27320.1	C4(Carbamidomethyl)		1205.59229	0	0.000338274			
	DDDDDDDEDHEAKIAAAASDHHEHIKDE	4	1	1	AT4G27320.1			3158.26357	0	5.59922E-09			
	VADLAKPLKEAGFPHK	4	1	1	AT4G27320.1			1720.97239	0.000052	0.001399466			
	EAGFPHKIHIVK	4	1	1	AT4G27320.1			1375.78470	0.000098	0.001473901			
	IHHPSSPRHSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	32	1	1	AT4G27320.1	S6(Phospho)		3186.46711	0.001023	0.02709117	11	0.2	S(5): 9.2; S(6): 19.1; S(10): 9.2; S(14): 9.2; S(15): 9.2; S(16): 9.2; T(17): 9.2; S(19): 9.2; T(22): 9.2; T(24): 5.0; T(26): 2.2
	RKIGVAVDLSEESAFAVR	4	1	1	AT4G27320.1			1947.06606	0.001766	0.06068376			
	HSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	40	1	1	AT4G27320.1	T16(Phospho)		2274.99477	0.011442	0.3430546	8	0.3	S(2): 8.8; S(6): 8.8; S(7): 8.8; S(8): 8.8; T(9): 8.8; S(11): 8.8; T(14): 8.8; T(16): 29.8; T(18): 8.8
	HSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	1	1	1	AT4G27320.1	S2(Phospho); T18(Phospho)		2354.96084	0.180836	1	4	0.0	S(2): 19.4; S(6): 19.4; S(7): 19.4; S(8): 19.4; T(9): 19.4; S(11): 19.4; T(14): 19.4; T(16): 32.1; T(18): 32.1
	IHHPSSPRHSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	1	1	1	AT4G27320.1	S10(Phospho); S14(Phospho)		3266.42805	0.409423	1	3	0.0	S(5): 20.8; S(6): 20.8; S(10): 20.8; S(14): 20.8; S(15): 20.8; S(16): 20.8; T(17): 20.8; S(19): 13.5; T(22): 13.5; T(24): 13.5; T(26): 13.5
AT3G54280.1	DNA binding;ATP binding;nucleic acid l	0.59	2	1			1	1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GTLEEKVMSLQK	1	2	1	AT3G54280.1	S9(Phospho)		1442.68913	0.001053	0.01804912	67	1.0	T(2): 0.0; S(9): 100.0
AT5G36210.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily pro	11.78	1	4			5	39					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SPITADIVSGASK	16	1	1	AT5G36210.1			1245.66728	0	0.000182368			
	VLVSGNDFYAFPR	4	1	1	AT5G36210.1			1484.75188	0	2.03237E-05			
	MLKEEGHKFESR	16	1	1	AT5G36210.1			1490.73960	0	0.000222697			

	SNPITTIVEVNLSGETLEEPK	2	1	1	AT5G36210.1	T16(Phospho)	2350.15468	0.00135	0.05043668	17	0.8	S(1): 1.9; T(5): 1.9; T(6): 1.9; S(13): 11.7; T(16): 82.5
	SFASMSSSSPDAAQTPLTTAPYGSWKSPIT	1	1	1	AT5G36210.1	S38(Phospho)	4137.95728	0.372051	1	1	0.1	S(1): 6.3; S(4): 6.3; S(6): 6.3; S(7): 6.3; S(8): 6.3; S(9): 6.3; T(15): 6.5; T(18): 6.5; T(19): 6.5; Y(22): 6.5; S(24): 6.5; S(27): 7.1; T(30): 7.1; S(35): 7
AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	33.18	1	3		3		33				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IMNPNDPEYNSDSQSQAPPHPPSSR	20	1	1	AT3G25070.1	N3(Deamidated); Q16(Deamidated)	2767.18192	0	0.002936522			
	IMNPNDPEYNSDSQSQAPPHPPSSR	1	1	1	AT3G25070.1	M2(Oxidation)	2781.21109	0.0001	0.000489109			
	IMNPNDPEYNSDSQSQAPPHPPSSR	4	1	1	AT3G25070.1	Q14(Deamidated)	2766.19846	0.000225	0.002521172			
	SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	6	1	1	AT3G25070.1	S13(Phospho)	2528.31582	0.002637	0.08933664	18	0.7	S(1): 3.1; T(6): 7.1; S(13): 69.5; T(18): 20.3
	ASQNNSYDNKSPLHKNSYDGTGK	2	1	1	AT3G25070.1	Y7(Phospho)	2605.12343	0.009553	0.2057424	8	0.2	S(2): 24.5; S(6): 24.5; Y(7): 24.5; S(11): 7.5; S(17): 7.5; Y(18): 7.5; T(21): 3.8
AT5G04740.1	ACT domain-containing protein	26.58	2	6		6		41				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VEDPDLLEQIR	8	1	1	AT5G04740.1		1326.68913	0	0.001848676			
	KVEDPDLLEQIR	8	1	1	AT5G04740.1		1454.78528	0	0.000294807			
	IDVDIATHIHVK	4	2	1	AT5G04740.1		1360.76053	0	0.000318104			
	SLSQVLVNCLR	8	2	1	AT5G04740.1	C9(Carbamidomethyl)	1288.70256	0.000052	0.00096398			
	YHPECSEQLAMGETFGIKAPEKK	12	1	1	AT5G04740.1	C5(Carbamidomethyl)	2650.25527	0.000871	0.03469315			
	VMADVNIDVESAEIDTEGLVAK	1	2	1	AT5G04740.1	T16(Phospho)	2398.11172	0.002081	0.06752409	10	0.8	S(11): 15.7; T(16): 84.3
AT1G13960.2	WRKY DNA-binding protein 4	10.27	2	2		2		6				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AVVTTYEGKHNHDLPAAK	4	2	1	AT1G13960.2		1950.99973	0	0.000148614			
	DNTANINGSSINNNRGSSELGASQFQTNS	2	2	1	AT1G13960.2	S30(Phospho)	3406.47749	0.002885	0.08232457	3	0.1	T(3): 7.9; S(9): 8.7; S(10): 7.9; S(17): 8.7; S(18): 8.7; S(23): 18.6; T(27): 13.2; S(29): 13.2; S(30): 13.2
AT4G12420.1	Cupredoxin superfamily protein	23.51	1	10		11		161				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TENLDSWYLGQETYVR	32	1	1	AT4G12420.1		1973.91728	0	1.56481E-10			
	ASGGFGSFVVNPR	24	1	1	AT4G12420.1		1294.65264	0	3.56977E-06			
	TTLNGISFK	8	1	1	AT4G12420.1		980.54125	0	0.001717753			
	DQIGSFFYFPSLHFQR	36	1	1	AT4G12420.1		1988.96367	0	3.13527E-06			
	AKGQLPPGPQDEFDKTFSMNQAR	12	1	1	AT4G12420.1		2562.23232	0	3.91925E-14			
	TTLNGISFKNPSTPIR	16	1	1	AT4G12420.1		1745.95292	0	6.68879E-06			
	DVYKLDFPKRPLTGPAK	8	1	1	AT4G12420.1		1945.08779	0	0.000114552			
	DQIGSFFYFPSLHFQR	2	1	1	AT4G12420.1	Q2(Deamidated)	1989.95366	0	8.92043E-06			
	NKLDEGLLLHWNGIQQR	4	1	1	AT4G12420.1		2034.09145	0.000104	0.002484901			
	RVTGVGILK	12	1	1	AT4G12420.1		942.60991	0.000609	0.0108881			
	RPLTGPAKVATSIINGTYR	3	1	1	AT4G12420.1	T4(Phospho); S12(Phospho)	2175.06754	0.002939	0.08369295	36	0.9	T(4): 99.1; T(11): 7.4; S(12): 91.8; T(17): 0.9; Y(18): 0.9
	VATSIINGTYR	4	1	1	AT4G12420.1	Y10(Phospho)	1274.60881	0.552367	1	24	0.5	T(3): 0.2; S(4): 0.7; T(9): 49.6; Y(10): 49.6
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	80.53	1	8		8		174				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	32	1	1	AT4G00810.1		3645.86936	0	2.18176E-13			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	20	1	1	AT4G00810.1		3517.76987	0	1.14376E-16			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	3	1	1	AT4G00810.1	M7(Oxidation)	3533.76084	0	5.2185E-13			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	48	1	1	AT4G00810.1		3131.59941	0	2.26714E-07			
	RNVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAA	12	1	1	AT4G00810.1		3287.68906	0	6.35382E-10			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	7	1	1	AT4G00810.1	M7(Oxidation)	3661.85171	0	1.73514E-09			
	AAGVEIESYWPMLFAK	3	1	1	AT4G00810.1	M12(Oxidation)	1827.90080	0	1.38969E-05			
	AAGVEIESYWPMLFAK	16	1	1	AT4G00810.1		1811.90178	0	0.000128137			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	6	1	1	AT4G00810.1	M7(Oxidation)	3147.58298	0	6.71832E-09			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITSDK	6	1	1	AT4G00810.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	2814.33615	0	3.06445E-07			
	RNVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAA	4	1	1	AT4G00810.1	N9(Deamidated)	3674.86733	0	1.00139E-08			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	7	1	1	AT4G00810.1	N8(Deamidated)	3132.58940	0	0.000245671			
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITSDKIATLVK	2	1	1	AT4G00810.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	3439.74204	0	0.000279636			
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	2	1	1	AT4G00810.1	S21(Phospho)	3597.72800	0.003319	0.09366553	15	1.0	T(3): 4.4; S(21): 95.6
	NVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAAA	2	1	1	AT4G00810.1	N1(Deamidated)	3646.86170	0.014692	0.4069358			
	RNVTDLIMNVGAGGGGGGAPVSAAAPAA	4	1	1	AT4G00810.1		3673.89516	0.086	0.7953725			
AT5G20935.1	unknown protein; CONTAINS InterPro I	35.19	1	4		4		39				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SKLQVGSPIIIVEAPK	20	1	1	AT5G20935.1		1679.00589	0	2.44695E-05			
	ANSGLVKPGDVGR	16	1	1	AT5G20935.1		1269.68781	0	0.002556882			
	TAASMPCLRANSGLVKPGDVGR	2	1	1	AT5G20935.1	S4(Phospho); C7(Carbamidomethyl)	2337.10903	0.005144	0.09900506	8	0.4	T(1): 43.6; S(4): 43.6; S(12): 12.9
	TAASMPCLR	1	1	1	AT5G20935.1	M5(Oxidation); C7(Carbamidomethyl)	1022.47325	0.021704	0.4910103			
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	33.61	1	18		18		182				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GSPNEFAGIGSTSALLWLAR	12	1	1	AT2G47390.1		2047.05766	0	1.79763E-10			
	QLCDLPLAEDPIASNSVR	20	1	1	AT2G47390.1	C3(Carbamidomethyl)	2111.07939	0	7.1369E-10			
	YVEQLVASAEAAVEEVVR	12	1	1	AT2G47390.1		1962.01407	0	4.41995E-09			
	DIVYMQSAEPLAGEEPEVLHK	3	1	1	AT2G47390.1	M5(Oxidation)	2371.14310	0	1.15036E-07			
	TLTPFGFQNEDR	12	1	1	AT2G47390.1		1424.67912	0	0.000114953			
	DIVDAPPVPALSFSPHR	16	1	1	AT2G47390.1		1817.95493	0	0.002663715			
	IAVGGHSYGAFMTANLLAHAPHLFACGIA	8	1	1	AT2G47390.1	C26(Carbamidomethyl)	3123.57221	0	1.95713E-07			
	LVVLPHESHGYSAR	8	1	1	AT2G47390.1		1564.81968	0	0.001828288			
	VQQITNFPHPYPQLASLQK	8	1	1	AT2G47390.1		2209.17624	0	4.85606E-06			
	MSFYTGLGIHQLLPDGTLSPEK	4	1	1	AT2G47390.1		2404.22184	0	2.1673E-06			
	DIVDAPPVPALSFSPHRDK	36	1	1	AT2G47390.1		2061.07729	0	1.72111E-06			
	YCVPNTSDADTSPDQSK	8	1	1	AT2G47390.1	C2(Carbamidomethyl)	1884.78496	0	1.6004E-05			
	GEPPKKPLVPSGPK	8	1	1	AT2G47390.1		1430.83335	0.000098	0.002335654			
	ESIMHVLWETDR	4	1	1	AT2G47390.1		1515.72406	0.000098	0.002501372			
	IKKPILLIHGEEDNNPGTLTMQSDR	8	1	1	AT2G47390.1		2819.46474	0.000701	0.02277407			
	ALPPLADLARPEEK	4	1	1	AT2G47390.1		1519.84148	0.001023	0.03328709			
	ENDEGTYVLLNGSGATPQGNVPFLDLFDIP	10	1	1	AT2G47390.1	Q18(Deamidated); N33(Deamidated)	3611.71946	0.001293	0.04513723			
	KPLVPSGPKTLSNETKTVVQVR	1	1	1	AT2G47390.1	S6(Phospho)	2458.33169	0.005144	0.1004732	22	0.6	S(6): 58.6; T(10): 18.9; S(12): 18.9; T(15): 2.9; T(17): 0.8
AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes medium su	7.49	3	2		2		37				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AKPVAAPVASSNPSGAAITGATASDAPK	20	3	1	AT2G20790.3		2507.31040	0	5.53173E-10			
	AKPVAAPVASSNPSGAAITGATASDAPKA	17	3	1	AT2G20790.3	S10(Phospho); S31(Phospho)	3038.44326	0.005145	0.1528469	5	0.1	S(10): 23.3; S(11): 23.3; S(14): 30.2; T(19): 23.9; T(22): 23.9; S(24): 22.9; S(31): 52.5
AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protei	26.92	3	9		9		47				
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	QIEDAHIAILTCPFEPPKPK	12	2	1	AT1G24510.1	C12(Carbamidomethyl)	2304.20376	0	0.000242467			
	ALAFDEFGRPFIILR	9	2	1	AT1G24510.1	N-Term(Acetyl)	1806.98625	0	0.002813017			
	EMPFYGIDCNDVGTNDMR	4	2	1	AT1G24510.1	C10(Carbamidomethyl)	2229.95098	0	3.84671E-07			
	AVLAVADLER	4	2	1	AT1G24510.1		1056.60442	0	0.000800678			
	TKHKVDIDTVEK	4	2	1	AT1G24510.1		1412.76963	0	0.000929265			
	KQEQQVFDEMVQK	4	2	1	AT1G24510.1		1700.79563	0	0.000441036			
	LRGIDAQKANIAAGK	5	1	1	AT1G24510.1		1525.87708	0	0.01108378			
	EQNVFETLIGK	4	2	1	AT1G24510.1		1277.67534	0.000506	0.01551622			
	AFAEALDSVPMALAENSGLQPIETLSAVK	1	2	1	AT1G24510.1	T24(Phospho)	3052.48304	0.005996	0.1887336	8	0.5	S(8): 16.4; S(17): 16.4; T(24): 50.7; S(26): 16.4
AT1G79420.1	Protein of unknown function (DUF620)	9.11	1	1		1		1				

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	GQDLRLLLGVLGCPLAPISVVVSDLFPDDPI	1	1	1	AT1G79420.1	C13(Carbamidomethyl); S34(Phospho)	4142.17634	0.007277	0.176545	2	0.3	S(19): 28.9; S(23): 42.2; S(34): 28.9
AT3G20970.1	NFU domain protein 4	12.72	2	2	2	10						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	IRPAVQDDGGDIEYCGFDPESGIVK	4	1	1	AT3G20970.1	C15(Carbamidomethyl)	2737.27329	0	7.56161E-05			
	GIARLVTSLSR	6	2	1	AT3G20970.1	S8(Phospho)	1252.67365	0.007601	0.2320234	36	0.8	T(7): 8.0; S(8): 84.1; S(10): 8.0
AT4G18810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfa	15.10	2	4	4	22						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	GIVSTTNNGGFTSVR	8	2	1	AT4G18810.1		1509.76067	0	5.74706E-07			
	DSGIPFAIVRPCALTEEPAGADLIFEQGDNI	2	2	1	AT4G18810.1	C12(Carbamidomethyl); Q27(Deamidated)	3602.77365	0	2.07031E-08			
	DSGIPFAIVRPCALTEEPAGADLIFEQGDNI	1	2	1	AT4G18810.1	C12(Carbamidomethyl); Q27(Deamidated); N30(Deamidated)	3603.77304	0	9.63E-07			
	LPFSSLRPVFR	4	2	1	AT4G18810.1		1318.76245	0.00115	0.03069427			
	MEVSSSNKLSSSLSPSIIKLQGSSSSIDIK	7	2	1	AT4G18810.1	S4(Phospho); S5(Phospho)	3268.58120	0.087208	0.9329627	12	0.0	S(4): 16.7; S(5): 16.7; S(6): 16.7; S(10): 16.7; S(11): 16.7; S(12): 16.7; S(14): 16.7; S(16): 16.7; S(23): 16.7; S(24): 16.7; S(25): 16.7; S(26): 16.7
AT1G74920.1	aldehyde dehydrogenase 10A8	32.53	2	11	12	134						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	RIPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNAA	40	1	1	AT1G74920.1		3316.73105	0	2.14439E-12			
	SEGATILHGGSRPEHLEK	4	2	1	AT1G74920.1		1917.97263	0	1.27163E-05			
	ELGEWGLDNYLSVK	8	2	1	AT1G74920.1		1622.80266	0	3.64541E-06			
	IPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNAAI	32	1	1	AT1G74920.1		3160.62302	0	1.75059E-06			
	VAPSLAAGCTAILKPSELASVTCLELADICR	4	2	1	AT1G74920.1	C9(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); C30(Carbamidomethyl)	3286.70212	0	2.88726E-05			
	KRIPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNA	16	1	1	AT1G74920.1		3444.82802	0	0.002396343			
	EVGLPPGVLNVLTGFGSEAGAPLASHPGVI	4	2	1	AT1G74920.1		2985.57071	0	0.000219057			
	RIPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNAA	6	1	1	AT1G74920.1	N6(Deamidated)	3317.74399	0	3.08328E-07			
	KRIPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNA	2	1	1	AT1G74920.1	N7(Deamidated)	3445.83413	0	2.91926E-05			
	QLFIDGEWR	4	2	1	AT1G74920.1		1163.58306	0.000052	0.000839652			
	QKAPVSLPMESFK	8	2	1	AT1G74920.1		1461.77579	0.000327	0.01155826			
	RIPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNAA	4	1	1	AT1G74920.1		3472.84609	0.002942	0.09994348			
	IPIVNPATEEVIGDIPAATTEDVDVAVNAAI	1	1	1	AT1G74920.1	N5(Deamidated); N28(Deamidated)	3318.72800	0.003038	0.08505343			
	SPLIVFDDVDLDK	1	3	2	AT1G74920.1;AT3G48170.1	S1(Phospho)	1555.73259	0.009502	0.2584146	70	1.0	S(1): 100.0
AT3G48170.1	aldehyde dehydrogenase 10A9	14.51	1	3	4	17						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	TLPVVNPATEDIIGYIPAATSEDVELAVEAA	8	1	1	AT3G48170.1		3324.71262	0	0.000331752			
	EEVFGPALCVK	4	1	1	AT3G48170.1	C9(Carbamidomethyl)	1248.62407	0.000246	0.004491662			
	NEGATVLCGGVRPEHLK	4	1	1	AT3G48170.1	C8(Carbamidomethyl)	1836.93564	0.000914	0.03651034			
	SPIIVFDDVDIDK	1	3	2	AT1G74920.1;AT3G48170.1	S1(Phospho)	1555.73259	0.009502	0.2584146	70	1.0	S(1): 100.0
AT5G66130.1	RADIATION SENSITIVE 17	9.18	1	1	2	9						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	VVDFLHENVLDFVSDGAIEDAWCVSSYLAI	6	1	1	AT5G66130.1	S14(Phospho); C23(Carbamidomethyl)	4446.07631	0.019092	0.5026799	4	0.3	S(14): 34.7; S(25): 21.8; S(26): 21.8; Y(27): 21.8
	RMEDTQSSLERAGALK	3	1	1	AT5G66130.1	S7(Phospho)	1871.88077	0.587944	1	36	0.8	T(5): 11.5; S(7): 76.9; S(8): 11.5
AT1G23170.1	Protein of unknown function DUF2359	14.06	2	1	3	6						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SIATTAALLAATGFAGAAALSANPEAIAYLH	3	2	1	AT1G23170.1	T5(Phospho); S21(Phospho)	3079.50307	0.010211	0.3100079	1	0.1	S(1): 41.3; T(4): 41.3; T(5): 34.0; T(12): 34.0; S(21): 26.1; Y(29): 23.1
	ARTILVNGAVR	1	3	2	AT1G70770.1;AT1G23170.1	T3(Phospho)	1249.67896			42	1.0	T(3): 100.0
	KPKVTLAEAAAKIDVSNLAAFLVEASIPLSH	2	1	1	AT1G23170.1	S16(Phospho); S26(Phospho)	4164.17446			1	0.1	T(5): 36.4; S(16): 38.9; S(26): 40.9; S(30): 41.8; Y(37): 41.8
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	46.63	1	16	17	229						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	EQQDDEYVASLQADR	28	1	1	AT4G11740.1		1766.78044	0	2.80411E-09			
	LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	24	1	1	AT4G11740.1		2388.08281	0	1.15023E-07			
	EPQADEENAITLLIR	8	1	1	AT4G11740.1		1711.88664	0	2.72714E-06			
	ASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	12	1	1	AT4G11740.1		2501.21628	0	1.06635E-10			
	LQTLFNFIDIAR	20	1	1	AT4G11740.1		1450.80303	0	1.02867E-05			
	QDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	8	1	1	AT4G11740.1		2892.27793	0	4.7915E-10			
	SRQDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	12	1	1	AT4G11740.1		3135.40932	0	3.31377E-05			
	HAFGDGESESTLNDLGLTSK	8	1	1	AT4G11740.1		2077.96488	0	5.58744E-05			
	TIGRPPFSLLDSDFAR	32	1	1	AT4G11740.1		1791.93692	0	2.15423E-07			
	SGSPEEEHASINPAER	16	1	1	AT4G11740.1		1709.76743	0	0.000330149			
	RVFDSDPLMPRPPFVSHPR	8	1	1	AT4G11740.1		2250.16103	0	3.85138E-06			
	ATPNQEAIDTFISITGASDAVALQK	8	1	1	AT4G11740.1	N-Term(Acetyl)	2603.31021	0	0.000237262			
	QDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	7	1	1	AT4G11740.1	N11(Deamidated)	2893.27732	0	8.56923E-09			
	SRQDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	1	1	1	AT4G11740.1	M25(Oxidation)	3151.40444	0	1.90705E-08			
	LEEHRGDLNQAVNAYFSEGDR	4	1	1	AT4G11740.1		2420.12026	0	0.000432425			
	LEEHRGDLNQAVNAYFSEGDRNVVR	8	1	1	AT4G11740.1		2888.38955	0	0.000166711			
	FLKSDKLQTLFNFIDIAR	12	1	1	AT4G11740.1		2169.20432	0	8.9229E-06			
	SRQDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	7	1	1	AT4G11740.1	N12(Deamidated)	3136.40932	0	0.00012394			
	AQPRPPSPSLTAQIR	3	1	1	AT4G11740.1	S9(Phospho)	1585.78459	0.010558	0.2336913	49	0.9	S(7): 8.4; S(9): 90.6; T(11): 1.0
	SQGYKASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALN	2	1	1	AT4G11740.1	S1(Phospho); S7(Phospho); T25(Phospho)	3304.40493	0.599669	1	11	0.1	S(1): 49.8; Y(4): 49.8; S(7): 49.8; T(8): 24.6; S(9): 24.6; S(14): 33.8; T(17): 33.8; T(25): 33.8
	EPQADEENAITLLIR	1	1	1	AT4G11740.1	Q3(Deamidated); N8(Deamidated)	1713.84665					
AT5G01220.1	sulfoquinovosyldiacylglycerol 2	4.51	1	1	1	2						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	FKPDIIHASSPGVMVFGALAIAK	2	1	1	AT5G01220.1	S9(Phospho)	2449.26725	0.011226	0.331174	8	0.2	S(9): 23.7; S(10): 76.3
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family p	27.50	1	9	10	250						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	LFLFPSSPISGGFGSEGSTK	24	1	1	AT5G09620.1		2015.00786	0	3.00907E-10			
	YQLPGEDLDALISVTNDEDLEHMMHEYDI	28	1	1	AT5G09620.1		3448.51792	0	2.35614E-07			
	QIQEFQMIQIR	16	1	1	AT5G09620.1		1433.75786	0	1.24391E-05			
	IQPRPHDNQLTYVNGDTK	48	1	1	AT5G09620.1		2096.04526	0	1.8725E-05			
	SVTAPPNNADFLFGSEK	28	2	2	AT5G09620.1;AT5G64430.1		1793.86687	0	1.65682E-06			
	MLQPEHGVNPAEIQR	12	1	1	AT5G09620.1		1718.86283	0	1.72248E-05			
	QIQEFQMIQIR	5	1	1	AT5G09620.1	M7(Oxidation)	1449.74944	0	2.64063E-05			
	DTLNPIPSRPESEK	24	1	1	AT5G09620.1		1582.80608	0	0.001191428			
	YQLPGEDLDALISVTNDEDLEHMMHEYDI	10	1	1	AT5G09620.1	M24(Oxidation)	3464.52065	0	1.75632E-05			
	MLQPEHGVNPAEIQR	3	1	1	AT5G09620.1	M1(Oxidation)	1734.85508	0	3.32031E-09			
	LSAVCSGGGDGGEISFK	16	1	1	AT5G09620.1	C5(Carbamidomethyl)	1640.76055	0	4.59097E-16			
	MRLFLFPSSPISGGFGSEGSTK	12	1	1	AT5G09620.1		2302.14695	0	1.17634E-06			
	YQLPGEDLDALISVTNDEDLEHMMHEYDI	2	1	1	AT5G09620.1	M23(Oxidation); M24(Oxidation)	3480.50258	0	2.32813E-05			
	SDRDTLNPIPSRPESEK	16	1	1	AT5G09620.1		1940.96181	0.000098	0.001905363			
	LFLFPSSPISGGFGSEGSTK	6	1	1	AT5G09620.1	S15(Phospho)	2094.97563	0.012299	0.2569543	34	0.0	S(6): 1.0; S(7): 1.0; S(10): 96.5; S(15): 1.0; S(18): 0.3; T(19): 0.3
AT1G62290.1	Saposin-like aspartyl protease family p	9.55	1	1	2	10						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SYNNNLGGDSGDADIVPLKNYLDAQYYGE	1	1	1	AT1G62290.1	S1(Phospho); Y2(Phospho); S10(Phospho)	4310.87019	0.013098	0.277507	2	0.0	S(1): 29.8; Y(2): 29.8; S(10): 34.9; Y(21): 43.2; Y(26): 54.1; Y(27): 54.1; T(34): 54.1
	RNDGTFRVGLK	9	1	1	AT1G62290.1		1262.69529					
AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase family prote	2.70	1	1	1	126						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	HAEARHHSRDTPILEIVSFGSELSNR	126	1	1	AT3G42850.1	S8(Phospho)	3038.45717	0.014648	0.4055292	3	0.3	S(8): 27.3; T(11): 27.3; S(18): 15.1; S(21): 15.1; S(24): 15.1
AT2G48160.1	Tudor/PWWP/MBT domain-containing	2.86	1	1	1	2						

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SAEEGTLGSAENTTLMPQVIEIPTATSLTQI	2	1	1	AT2G48160.1	S36(Phospho)	4150.91233	0.014702	0.406737	11	0.4	S(1): 3.2; T(6): 3.3; S(9): 3.6; T(13): 4.3; T(14): 3.6; T(24): 5.5; T(26): 5.5; S(27): 5.5; T(29): 5.5; S(33): 20.7; S(36): 39.1
AT3G28710.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	9.97	3	1	2	16						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	YGSYLQNEPSPLHTTTIVEK	4	1	1	AT3G28710.1		2277.13968	0	2.65448E-05			
	AVNITINSIGTELTR	12	3	1	AT3G28710.1	S8(Phospho)	1681.86216	0.015828	0.3155473	37	0.8	T(5): 0.0; S(8): 77.3; T(11): 11.3; T(14): 11.3
AT3G09840.1	cell division cycle 48	59.70	2	31	33	353						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SENPEAMEEDGVDEVSEIK	8	1	1	AT3G09840.1		2106.90093	0	3.15256E-11			
	IVSQLLTLMDGLK	12	3	1	AT3G09840.1		1430.82891	0	1.09671E-07			
	YTQGFSGADITEICQR	8	3	1	AT3G09840.1	C14(Carbamidomethyl)	1845.84148	0	1.16776E-07			
	VHILPVDDTVEGVTGNLFDAYLKPYFLEAYI	28	2	1	AT3G09840.1		3907.03481	0	1.49301E-12			
	LDDVGYDDVGGVRK	12	1	1	AT3G09840.1		1507.73125	0	6.50539E-06			
	KYQAFAQTLQQSR	8	3	1	AT3G09840.1		1568.81719	0	9.45432E-08			
	YQAFAQTLQQSR	8	3	1	AT3G09840.1		1440.72038	0	6.38755E-05			
	VIETDPAEYCVVAPDTEIFCEGEPVKR	12	2	1	AT3G09840.1	C10(Carbamidomethyl); C20(Carbamidomethyl)	3123.46067	0	5.37461E-07			
	DFSTAILER	16	2	1	AT3G09840.1		1051.54057	0	4.50253E-05			
	NAPSIIFIDEIDSIAPK	16	3	1	AT3G09840.1		1842.98296	0	8.16853E-07			
	LVVDEAINDDNSVVSLHPATMEK	28	1	1	AT3G09840.1		2496.22995	0	9.58833E-08			
	QSAPCVLFFDELDSIATQR	20	3	1	AT3G09840.1	C5(Carbamidomethyl)	2197.05522	0	1.79482E-08			
	RIVSQLLTLMDGLK	4	3	1	AT3G09840.1		1586.92856	0	1.42228E-05			
	LVVDEAINDDNSVVSLHPATMEK	5	1	1	AT3G09840.1	M21(Oxidation)	2512.21817	0	4.28775E-08			
	KGDLFLVR	8	3	1	AT3G09840.1		947.56694	0	0.000455663			
	EIDIGVPDEIGR	8	3	1	AT3G09840.1		1312.67327	0	0.00018333			
	ISKDTHGYVGADLAALCTEAALQCIR	12	2	1	AT3G09840.1	C17(Carbamidomethyl); C24(Carbamidomethyl)	2833.39834	0	9.6765E-05			
	DTHGYVGADLAALCTEAALQCIR	4	3	1	AT3G09840.1	C14(Carbamidomethyl); C21(Carbamidomethyl)	2505.18198	0	5.00141E-05			
	LGDVISVHQCPDVK	8	3	1	AT3G09840.1	C10(Carbamidomethyl)	1566.79326	0	1.11319E-05			
	SKKDFSTAILER	20	1	1	AT3G09840.1		1394.76258	0	0.00010603			
	ELQETVQYPVEHPEK	16	3	1	AT3G09840.1		1825.89420	0	2.25318E-05			
	ETVVEVPNVSWNDIGGLENVKR	12	1	1	AT3G09840.1		2454.25266	0	0.000378954			
	MDVIDLEDDSIDAEILNSMAVTNEHFHTAI	6	1	1	AT3G09840.1	N17(Deamidated); N23(Deamidated)	4256.97573	0	3.48915E-09			
	QSAPCVLFFDELDSIATQR	4	3	1	AT3G09840.1	Q1(Deamidated); C5(Carbamidomethyl)	2198.04741	0	7.79021E-07			
	EKMDVIDLEDDSIDAEILNSMAVTNEHFHT	8	1	1	AT3G09840.1	N34(Deamidated)	4513.12482	0	3.00031E-05			
	AHVIVMGATNRPNSIDPALRR	4	3	1	AT3G09840.1		2288.23825	0	0.00035072			
	GPELLTMWFGESEANVR	1	3	1	AT3G09840.1	M7(Oxidation)	1951.91911	0	0.00011193			
	MDVIDLEDDSIDAEILNSMAVTNEHFHTAI	4	1	1	AT3G09840.1	N32(Deamidated)	4256.00405	0	3.91986E-08			
	EKMDVIDLEDDSIDAEILNSMAVTNEHFHT	6	1	1	AT3G09840.1	N34(Deamidated); N36(Deamidated)	4514.12368	0	0.000189112			
	VHILPVDDTVEGVTGNLFDAYLKPYFLEAYI	1	2	1	AT3G09840.1	N16(Deamidated)	3908.04531	0	1.48785E-09			
	RKDTVCIALADETCEEPK	8	2	1	AT3G09840.1	C6(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)	2135.00223	0	1.23421E-05			
	VRLGDVISVHQCPDVK	8	3	1	AT3G09840.1	C12(Carbamidomethyl)	1821.96450	0.000052	0.001267735			
	VLNQLLTEMDGMNAKK	4	3	1	AT3G09840.1		1804.92588	0.000052	0.000744485			
	ELVELPLRHPQLFK	12	3	1	AT3G09840.1		1718.99576	0.000052	0.000965245			
	DTHGYVGADLAALCTEAALQCIR	1	3	1	AT3G09840.1	C14(Carbamidomethyl); Q20(Deamidated); C21(Carbamidomethyl)	2506.18302	0.000059	0.001178693			
	NAPSIIFIDEIDSIAPKR	4	3	1	AT3G09840.1		1999.08542	0.000143	0.002582984			
	TVFIIGATNRPDIIDSALLRPGRLDQLIYIPLP	3	2	1	AT3G09840.1	T8(Phospho); S16(Phospho); Y29(Phospho); S37(Phospho)	4583.17600	0.016937	0.4594217	2	0.2	T(1): 81.0; T(8): 72.3; S(16): 81.0; Y(29): 81.0; S(37): 84.9
	IVSQLLTLMDGLKSR	2	3	1	AT3G09840.1	T7(Phospho)	1753.93374	0.69697	1	9	0.6	S(3): 20.7; T(7): 58.7; S(14): 20.7
	SIGVKPPK	4	3	1	AT3G09840.1		825.51909					
AT1G73610.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfa	15.99	1	1	2	13						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SYETIAPQIIENIKAK	10	1	1	AT1G73610.1	S1(Phospho); T4(Phospho)	1977.93410	0.017056	0.3870838	30	0.5	S(1): 50.3; Y(2): 50.3; T(4): 99.3
	LNGVVGNQEQANAVISNAVYLISAGNNDI	3	1	1	AT1G73610.1	Y20(Phospho); T36(Phospho)	4198.96894			5	0.1	S(16): 28.8; Y(20): 28.8; S(23): 28.8; T(32): 21.8; Y(33): 21.8; T(35): 35.0; T(36): 35.0
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	16.10	1	4	4	33						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	IGDLESQNQELAR	8	1	1	AT1G06530.1		1472.73247	0	0.00013753			
	KVLEAIASR	12	1	1	AT1G06530.1		986.59740	0	4.33444E-06			
	IESLTAEIEELR	12	1	1	AT1G06530.1		1402.74101	0	1.03391E-07			
	TELQKWITEKMVVEDSLK	1	1	1	AT1G06530.1	S16(Phospho)	2257.11440	0.019203	0.4362422	23	1.0	T(1): 0.5; T(8): 0.6; S(16): 98.9
AT2G41110.1	calmodulin 2	85.91	6	6	18	513						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	EADVDGDGQINYEEFVK	144	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1927.85198	0	3.77399E-11			
	VFDKDQNGFISAAELR	68	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1809.91228	0	1.74633E-07			
	DQNGFISAAELR	16	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1320.65288	0	4.52934E-05			
	MKDTDSEEILKEAFR	16	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1827.84061	0	1.73698E-07			
	EAFSLFDKDGDGCITTK	48	5	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	C13(Carbamidomethyl)	1903.87078	0	7.32499E-09			
	SLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTIDFF	3	6	1	AT2G41110.1	M14(Oxidation); M35(Oxidation)	4096.86069	0	6.19748E-08			
	EAFSLFDK	40	9	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		956.47161	0	0.000411742			
	SLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTIDFF	8	6	1	AT2G41110.1	M35(Oxidation)	4080.86899	0	5.01081E-06			
	EAFRVFDKDQNGFISAAELR	28	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		2313.16312	0	8.49998E-06			
	MKDTDSEEILKEAFR	3	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	M1(Oxidation)	1843.83359	0	1.45257E-07			
	SLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTIDFF	8	6	1	AT2G41110.1		4064.86631	0	1.24939E-05			
	MKDTDSEEELK	28	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1324.58928	0	7.42452E-05			
	DTDSEEELKEAFR	12	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1568.70737	0	0.001158647			
	KMKDTDSEEELK	12	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1452.68525	0	0.002462843			
	ADQLTDDQISEFK	10	5	1	AT2G41110.1	N-Term(Acetyl)	1551.71367	0	0.000309357			
	EADVDGDGQINYEEFVK	8	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	Q9(Deamidated)	1928.84429	0	8.5825E-06			
	VFDKDQNGFISAAELR	6	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	N7(Deamidated)	1810.89914	0	4.08313E-05			
	EADVDGDGQINYEEFVKVMMAK	2	6	1	AT2G41110.1	N11(Deamidated)	2489.12693	0	0.000319438			
	MKDTDSEEELK	1	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	M1(Oxidation)	1340.58525	0	0.000242621			
	ADQLTDDQISEFKEAFSLFDKDGDGCITTK	9	4	1	AT2G41110.1	N-Term(Acetyl); C26(Carbamidomethyl)	3436.57029	0	3.38479E-09			
	ADQLTDDQISEFKEAFSLFDK	7	5	1	AT2G41110.1	N-Term(Acetyl)	2489.16460	0	2.02565E-06			
	SLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTIDFF	4	6	1	AT2G41110.1	N33(Deamidated)	4065.89499	0.000168	0.002576551			
	SLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTIDFF	10	6	1	AT2G41110.1	Q4(Deamidated); N33(Deamidated)	4194.93125	0.000564	0.008734623			
	DTDSEEELK	12	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1		1065.45476	0.001219	0.04883316			
	KMKDTDSEEELK	1	10	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	M2(Oxidation)	1468.68015	0.003676	0.1206933			
	ELGTVMR	4	9	2	AT1G66410.1;AT2G41110.1	M6(Oxidation)	821.41698	0.003709	0.08833296			
	ADQLTDDQISEFK	5	5	1	AT2G41110.1	T5(Phospho)	1589.66288	0.019757	0.513722	50	1.0	T(5): 100.0; S(10): 0.0
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) fa	14.87	1	1	3	6						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	QFTGQSLAFGKVIKQIK	4	1	1	AT1G70200.1	S6(Phospho)	1973.05405	0.02041	0.4607051	40	0.5	T(3): 50.0; S(6): 50.0
	MNGASLCNSVLLHSHSLSRFQSSSSSCSVYI	1	1	1	AT1G70200.1	C7(Carbamidomethyl); S9(Phospho); C27(Carbamidomethyl)	4427.04506			0	0.1	S(5): 5.9; S(9): 5.9; S(14): 5.9; S(16): 5.9; S(18): 5.9; S(22): 5.9; S(23): 5.9; S(24): 5.9; S(25): 5.9; S(26): 5.9; S(28): 5.9; Y(30): 5.9; S(33): 5.9; S(3
	NHISSSIESSPIEMTRDSNTKLK	1	1	1	AT1G70200.1	N1(Deamidated)	2575.25444					
AT3G01280.1	voltage dependent anion channel 1	44.93	1	5	8	104						
	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	VGLALALKP	40	2	2	AT3G01280.1;AT5G15090.1		881.58147	0	0.000304315			
	VKGPGLYTEIGKK	20	2	2	AT3G01280.1;AT5G15090.1		1389.80793	0	1.71539E-05			

	FSITTFSPAGVAITSTGTK	12	1	1	AT3G01280.1			1885.98833	0	2.43456E-05				
	SFFTISGEVDTK	16	1	1	AT3G01280.1			1330.64995	0	9.65464E-06				
	DSTITVGTQHSLDPLTSVK	8	1	1	AT3G01280.1			1999.03159	0	0.000159859				
	INAGLSFTK	4	1	1	AT3G01280.1			950.53038	0.00017	0.003446367				
	EDLIASLTVNDKGDLLNASYYHIVNPLFNTA	3	1	1	AT3G01280.1	Y21(Phospho); T30(Phospho); S37(Phospho)		4468.05385	0.023357	0.5624166	1	0.0	S(6): 44.2; T(8): 42.5; S(19): 42.2; Y(20): 42.2; Y(21): 42.2; T(30): 44.7; S(37): 42.2	
	LSSKDSTITVGTQHSLDPLTSVK	1	1	1	AT3G01280.1	T20(Phospho); S21(Phospho)		2574.22280			0	0.0	S(2): 22.2; S(3): 22.2; S(6): 22.2; T(7): 22.2; T(9): 22.2; T(12): 22.2; S(15): 22.2; T(20): 22.2; S(21): 22.2	
AT2G22400.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent m	3.47	1	2	2		5							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ESVVTVDAGVPDESAVEK	4	1	1	AT2G22400.1			1830.89116	0	6.37791E-05				
	EIRKNQTLER	1	1	1	AT2G22400.1	T7(Phospho)		1366.68921	0.02499	0.5231273	38	1.0	T(7): 100.0	
AT3G25860.1	2-oxoacid dehydrogenases acyltransfer	47.08	1	13	16		301							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VGYPVNTDALDALYEK	28	1	1	AT3G25860.1			1767.87822	0	3.73474E-08				
	ITASDVETAAGIAPSK	24	1	1	AT3G25860.1			1530.79839	0	1.0192E-07				
	IVYGADLAAFLQTFAK	32	1	1	AT3G25860.1			1727.93498	0	2.42902E-09				
	EIFMPALSSTMTEGK	1	2	2	AT1G34430.1;AT3G25860.1	M11(Oxidation)		1657.77910	0	1.35069E-06				
	AAGMALAQHPVVNASCKDGK	10	1	1	AT3G25860.1	M4(Oxidation); C16(Carbamidomethyl)		2040.98545	0	1.34241E-08				
	EIFMPALSSTMTEGK	16	2	2	AT1G34430.1;AT3G25860.1			1641.78203	0	6.54946E-06				
	NMIESLSVPTFR	24	1	1	AT3G25860.1			1393.71391	0	0.000273865				
	GVTMTALLAK	24	2	2	AT1G34430.1;AT3G25860.1			1004.58061	0	7.367E-05				
	SSIAPPPPPPPPVTAK	32	1	1	AT3G25860.1			1552.87041	0	0.001347509				
	AAGMALAQHPVVNASCK	4	1	1	AT3G25860.1	C16(Carbamidomethyl)		1724.85074	0	0.000390284				
	AAGMALAQHPVVNASCKDGK	16	1	1	AT3G25860.1	C16(Carbamidomethyl)		2024.99741	0	1.26025E-05				
	AAGMALAQHPVVNASCK	4	1	1	AT3G25860.1	M4(Oxidation); C16(Carbamidomethyl)		1740.84940	0	1.10775E-05				
	ATTTNLPPLPDSSIVPFTAMQSAVSK	28	1	1	AT3G25860.1			2786.46201	0	5.36544E-06				
	VDIESVAGTGPFGR	8	1	1	AT3G25860.1			1404.70647	0	0.000227015				
	SSSSVAEAVVPSPPPVTSSPAPAIAQPAPVT	4	1	1	AT3G25860.1			3708.94590	0	1.15445E-06				
	SSSSVAEAVVPSPPPVTSSPAPAIAQPAPVT	1	1	1	AT3G25860.1	Q26(Deamidated)		3709.93723	0	3.74586E-06				
	ITASDVETAAGIAPSKSSIAPPPPPPPPVTAI	20	1	1	AT3G25860.1			3064.64591	0	5.65794E-05				
	NMIESLSVPTFR	4	1	1	AT3G25860.1	M2(Oxidation)		1409.70793	0	0.001029287				
	VKPKGVTMTALLAK	1	1	1	AT3G25860.1	M8(Oxidation)		1472.88388	0	0.000251475				
	QHKVDIESVAGTGPFGR	8	1	1	AT3G25860.1			1797.92319	0	0.004476183				
	VKPKGVTMTALLAK	8	1	1	AT3G25860.1			1456.89017	0	6.10359E-05				
	VDIESVAGTGPFGR	1	1	1	AT3G25860.1	T9(Phospho)		1484.67414	0.027548	0.5547343	12	0.8	S(5): 15.9; T(9): 84.1	
	ATTTNLPPLPDSSIVPFTAMQSAVSK	2	1	1	AT3G25860.1	N5(Deamidated)		2787.46506	0.055383	0.6430674				
	MAVSSSSFLSTASLTNSK	1	1	1	AT3G25860.1	T11(Phospho)		1897.86838			0	0.1	S(4): 11.1; S(5): 11.1; S(6): 11.1; S(7): 11.1; S(10): 11.1; T(11): 11.1; S(13): 11.1; T(15): 11.1; S(17): 11.1	
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interactin	13.29	1	3	6		43							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	EILGDSVIPLR	16	1	1	AT4G13350.1			1211.69890	0	0.003540074				
	SGTSLSSLMSTNEKPPEVK	12	1	1	AT4G13350.1			1991.99558	0	0.000318764				
	DLGSASPPVARPVR	8	1	1	AT4G13350.1			1421.78363	0.000572	0.01953703				
	DLGSASPPVARPVR	4	1	1	AT4G13350.1	S6(Phospho)		1501.74773	0.027763	0.6013359	38	0.9	S(4): 10.2; S(6): 89.8	
	SPSETRSSSGSRSPPYEDGYDR	1	1	1	AT4G13350.1	S1(Phospho); S3(Phospho); S13(Phospho); Y20(Phospho)		2736.90964	0.1744	1			Too many isoforms	
	KTSEEGSQSPEQVK	1	1	1	AT4G13350.1	Q8(Deamidated)		1534.71640	0.528	1				
	TSEEGSQSPEQVKDLGSASPPVARPVREIL	1	1	1	AT4G13350.1	T1(Phospho); S2(Phospho); S6(Phospho)		4241.00893			2	0.0	T(1): 43.8; S(2): 43.8; S(6): 43.8; S(8): 43.8; S(17): 44.8; S(19): 44.8; S(33): 35.0	
AT3G01120.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent t	5.15	1	2	2		9							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SVDEEVVVAEEGIR	8	1	1	AT3G01120.1			1530.76140	0	3.70778E-07				
	ALALGADLVVHSATK	1	1	1	AT3G01120.1	S12(Phospho); T14(Phospho)		1625.76194	0.151899	1	13	1.0	S(12): 100.0; T(14): 100.0	
AT3G12580.1	heat shock protein 70	43.08	2	5	25		472							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IINEPTAAAIAYGLDK	28	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3			1659.89421	0	3.03968E-09				
	IINEPTAAAIAYGLDKK	40	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3			1787.98650	0	1.05145E-08				
	TTPSYVAFTDSER	24	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1473.68328	0	3.0019E-05				
	NQVAMNPTNTVFDAK	1	1	1	AT3G12580.1	M5(Oxidation)		1665.78789	0	1.20333E-08				
	VQQLLQDFFNGK	24	5	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1			1436.75237	0	2.72331E-06				
	NQVAMNPTNTVFDAK	12	1	1	AT3G12580.1			1649.79082	0	4.49635E-07				
	VEIIANDQGNRTTPSYVAFTDSER	16	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			2683.29215	0	1.37186E-06				
	NALENYAYNMR	36	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1358.61467	0	2.22444E-09				
	ARFEELNMDLFRK	16	3	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1			1668.85178	0	1.88844E-06				
	ATAGDTHLGGEDFDNR	28	7	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1675.72869	0	3.59049E-07				
	SINPDEAVAYGAAVQAAILSGEGNEK	20	4	2	AT3G09440.1;AT3G12580.1			2574.26372	0	1.82843E-09				
	ELESLCNPIIAR	12	1	1	AT3G12580.1	C6(Carbamidomethyl)		1414.73332	0	0.000149608				
	NAVVTVPAYFNDSQR	28	7	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1680.83220	0	1.96193E-05				
	FEELNMDLFR	8	3	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1			1313.61870	0	8.75135E-05				
	NALENYAYNMR	11	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	M10(Oxidation)		1374.61028	0	0.000186631				
	FEELNMDLFRK	20	3	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1			1441.71660	0	0.000708507				
	MVNHFVQEFK	4	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	M1(Oxidation)		1294.62273	0	0.000656056				
	MVNHFVQEFK	28	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1278.62908	0	0.000444275				
	DAGVISGLNVMR	28	1	1	AT3G12580.1			1231.64153	0	0.000138979				
	GEGPAIGIDLGTTYSCVGVWQHDR	28	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	C16(Carbamidomethyl)		2588.23661	0	6.49113E-07				
	VVSGPGEKPMIVVNHKGEEK	4	1	1	AT3G12580.1			2134.11893	0	0.000112064				
	VEIIANDQGNR	12	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1228.62541	0	2.33184E-05				
	MVNHFVQEFKR	8	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1434.73230	0	0.0002773				
	ARFEELNMDLFR	8	3	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1			1540.75595	0	1.29193E-05				
	AGKGEGPAIGIDLGTTYSCVGVWQHDR	1	4	2	AT3G09440.1;AT3G12580.1	N-Term(Acetyl); C19(Carbamidomethyl)		2886.37680	0	2.1438E-11				
	NKITITNDKGR	12	5	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1			1259.70426	0	0.002909939				
	MVNHFVQEFKR	2	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	M1(Oxidation)		1450.72638	0.000052	0.000891893				
	VQQLLQDFFNGK	6	5	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1	Q6(Deamidated)		1437.73467	0.000793	0.02002226				
	VQDLLLLDVTPLSLGLETAGGVMTVLIPRN	1	1	1	AT3G12580.1	T10(Phospho); S13(Phospho); T35(Phospho)		4157.14858	0.028558	0.6314218	2	0.0	T(10): 49.9; S(13): 49.9; T(18): 46.5; T(24): 38.4; T(31): 38.4; T(32): 38.4; T(35): 38.4	
	NAVVTVPAYFNDSQR	4	7	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	Q14(Deamidated)		1681.80925	0.039973	0.6201367				
	MVNHFVQEFKRK	1	6	3	AT5G02500.1;AT3G09440.1;AT3G12580.1	N3(Deamidated); Q7(Deamidated)		1564.80278	0.620369	1				
	VQQLLQDFFNGK	1	5	2	AT5G02500.1;AT3G12580.1	Q2(Deamidated); Q3(Deamidated); Q6(Deamidated); N10(Deamidated)		1440.68158						
AT3G48770.1	DNA binding;ATP binding	1.90	1	1	1		1							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LGHGNNSPGIYAFLPTEMVTNFPFIIQADF	1	1	1	AT3G48770.1	T16(Phospho)		4017.97043	0.030701	0.6468782	10	0.1	S(7): 14.5; Y(11): 56.7; T(16): 14.5; T(20): 4.8; S(34): 4.8; S(35): 4.8	
AT4G33090.1	aminopeptidase M1	19.57	1	10	12		60							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IKDGKLELEQSR	16	1	1	AT4G33090.1			1415.78272	0	1.54969E-05				
	EYFAVPYPLPK	4	1	1	AT4G33090.1			1323.69890	0	0.00049391				
	INVDQAGFYR	8	1	1	AT4G33090.1			1182.58855	0	0.000269663				
	ETALLYDEQHSAASNIKQR	4	1	1	AT4G33090.1			2060.99814	0	0.000591791				
	SGYESLLR	4	1	1	AT4G33090.1			924.47936	0.000052	0.000914632				
	KEDNLTQLVAQLSSN	4	1	1	AT4G33090.1			1659.85527	0.000053	0.00126598				
	ILGSLASCPDPTIVQDVLNFVLSDEVR	4	1	1	AT4G33090.1	C8(Carbamidomethyl)		2957.53012	0.000143	0.00268749				

	EVEEFFATR	8	1	1	AT4G33090.1			1127.53545	0.000338	0.009494024			
	KNMAVTQFEPADARR	2	1	1	AT4G33090.1	N2(Deamidated)		1734.85508	0.005985	0.1784489			
	LNPDLIACTFTGTVAIDLDIVADTR	4	1	1	AT4G33090.1	C8(Carbamidomethyl); T9(Phospho)		2784.35245	0.030803	0.6501067	19	0.6	T(9): 57.1; T(11): 20.8; T(13): 20.8; T(24): 1.4
	NMAVTQFEPADARR	1	1	1	AT4G33090.1	M2(Oxidation)		1621.77445	0.079298	0.9495763			
	GEVLTALAVFGHDETLKEAVRR	1	1	1	AT4G33090.1	T15(Phospho)		2491.28310	0.621844	1	0	0.3	T(5): 70.1; T(15): 29.9
AT5G61780.1	TUDOR-SN protein 2	27.41	1	10		20		165					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DLGLELVENGLAK	8	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1			1370.75310	0	1.39509E-08			
	TNAGTYLLEAGLAK	8	1	1	AT5G61780.1			1421.75994	0	6.82136E-06			
	INQISAVVEYVLSGHR	12	1	1	AT5G61780.1			1784.96372	0	1.71268E-07			
	GKPMEGIVEQVR	12	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1			1342.71160	0	5.1616E-05			
	VKAVTSGDCLVITALTHNR	24	1	1	AT5G61780.1	C9(Carbamidomethyl)		2055.09995	0	6.96057E-07			
	TITLSSLMAPK	16	1	1	AT5G61780.1			1161.65434	0	0.003661747			
	EFGSVYLGNENLAK	8	1	1	AT5G61780.1			1540.76311	0	0.000125615			
	IPEAHILEMAER	4	1	1	AT5G61780.1			1408.72464	0	7.28253E-05			
	SNHYDALLAAEAR	24	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1			1430.70041	0	0.005087791			
	RVCLSSIRSPK	8	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1	C3(Carbamidomethyl)		1302.72892	0	1.26414E-05			
	VVVTEVLGGGR	4	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1			1085.63140	0	1.05581E-05			
	INQISAVVEYVLSGHRFK	8	1	1	AT5G61780.1			2060.12636	0	3.59577E-07			
	RVCLSSIR	4	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1	C3(Carbamidomethyl)		990.55034	0.000052	0.001697919			
	GKPMEGIVEQVR	2	3	2	AT5G61780.1;AT5G07350.1	M4(Oxidation)		1358.70464	0.000098	0.002287321			
	DAGEYLHTVTLESGK	4	1	1	AT5G61780.1			1619.79288	0.000098	0.001673952			
	VMDFGSVFLPSPTKGDTAVAAAATPGANI	12	1	1	AT5G61780.1			3587.88095	0.000143	0.005575323			
	VMDFGSVFLPSPTKGDTAVAAAATPGANI	1	1	1	AT5G61780.1	M2(Oxidation)		3603.88401	0.004455	0.1613627			
	VVVTEVLGGGRFYVQTVGDQKVASIQNQI	1	1	1	AT5G61780.1	T4(Phospho); S24(Phospho); S33(Phospho)		3927.93564	0.030953	0.6523725	10	0.2	T(4): 77.3; Y(13): 46.0; T(16): 46.0; S(24): 49.7; S(33): 81.0
	NLPPSAVGDSGNFDAMGLLAASKGKPME	1	1	1	AT5G61780.1	S5(Phospho); S10(Phospho); S22(Phospho)		4424.99575	0.206559	1	0	0.1	S(5): 61.9; S(10): 55.6; S(22): 57.2; S(38): 62.6; T(39): 62.6
	NSKTNAGTYLLEAGLAK	1	1	1	AT5G61780.1	S2(Phospho)		1830.89052	0.55061	1	14	0.2	S(2): 15.8; T(4): 15.8; T(8): 52.7; Y(9): 15.8
	GDTAVAAAATPGANIAELIISR	2	1	1	AT5G61780.1	T3(Phospho); S21(Phospho)		2242.05704			17	0.9	T(3): 94.8; T(10): 8.7; S(21): 96.5
	MATGAATENQWLKGR	1	1	1	AT5G61780.1	N9(Deamidated); Q10(Deamidated)		1635.77707					
AT5G42020.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family	58.98	2	5		36		935					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LGSVIGIDLGTTYSCVGVYK	32	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	C15(Carbamidomethyl)		2102.08379	0	2.81176E-08			
	LKEVEAVCNPIITAVYQR	48	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	C8(Carbamidomethyl)		2103.12041	0	3.75056E-11			
	IINEPTAAAIAYGLDK	28	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3			1659.89421	0	3.03968E-09			
	IINEPTAAAIAYGLDKK	40	10	5	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G02500.1;AT3			1787.98650	0	1.05145E-08			
	EPNKGVNPDEAVAYGAAVQGGILSGEGGI	12	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			3129.49143	0	2.7391E-10			
	EVEAVCNPITAVYQR	44	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	C6(Carbamidomethyl)		1861.94560	0	4.21444E-09			
	DILLDVAPLTLGIETVGGVMTK	7	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	M21(Oxidation)		2384.32939	0	7.64475E-11			
	VEIESLFDGVDLSEPLTR	36	2	1	AT5G42020.1			2019.02165	0	1.36788E-10			
	VFSPEEISAMILTK	68	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1564.82976	0	3.38081E-07			
	DAGVIAGLNVAR	28	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1155.64824	0	1.90109E-05			
	DILLLDVAPLTLGIETVGGVMTK	40	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			2368.33574	0	9.67365E-12			
	ITPSWVGFTDSER	24	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1494.72087	0	1.90537E-05			
	SQIDEIVLVGGSTR	4	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1473.79216	0	7.30241E-06			
	FDLTGVPPAPR	8	2	1	AT5G42020.1			1169.63152	0	1.14815E-06			
	MKETAEAYLGKK	8	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	M1(Oxidation)		1384.71219	0	5.06558E-08			
	MKETAEAYLGKK	32	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1368.71550	0	5.08674E-05			
	IKDAVVTVPAYFNDAQR	44	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1907.00261	0	1.09082E-06			
	VFSPEEISAMILTK	21	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	M10(Oxidation)		1580.82207	0	8.34684E-06			
	NALETVVYNMK	3	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	M10(Oxidation)		1361.63799	0	0.000105502			
	FEELNNDLFR	20	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1296.62016	0	0.00016396			
	DFFEGKEPNKGVNPDEAVAYGAAVQGGII	16	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			3852.81699	0	3.09262E-08			
	KLVPYQIVNKDGKPYIQVK	40	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			2230.29050	0	8.53122E-08			
	NGHVEIIANDQGNR	36	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1536.74748	0	4.32818E-06			
	ARFEELNNDLFRK	16	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1651.85428	0	5.70329E-05			
	GRLSQEEIDR	24	2	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1202.61040	0	0.002957598			
	KLVPYQIVNK	28	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1201.72673	0	0.001160825			
	DAVVTVPAYFNDAQR	20	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1665.82170	0	0.000607884			
	ARFEELNNDLFR	16	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1523.75928	0	9.77553E-06			
	LLGKFDLTGVPPAPR	8	2	1	AT5G42020.1			1580.91355	0	0.000324709			
	FEELNNDLFRK	28	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1424.71415	0	0.000243695			
	LVPYQIVNKDGKPYIQVK	24	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			2102.19852	0	0.000711116			
	DFFEGKEPNKGVNPDEAVAYGAAVQGGII	3	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	N9(Deamidated)		3853.82656	0	0.000285025			
	SGGAPGAGGESSTEEEDESHDEL	24	2	1	AT5G42020.1			2246.88213	0	1.38266E-13			
	NALETYVYNMK	20	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1345.64482	0	0.001207631			
	MKETAEAYLGK	20	5	4	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT4G37910.1;AT5			1240.62212	0	5.45737E-05			
	EALEWLDENQNSEK	16	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1704.76763	0	1.73509E-05			
	MKETAEAYLGK	3	5	4	AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT4G37910.1;AT5	M1(Oxidation)		1256.61736	0	0.000521304			
	EAEEFAEEDKK	20	2	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1324.58562	0.000098	0.001959033			
	LADKLEGDEK	4	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1			1117.57170	0.017498	0.404191			
	ARSFGANSTVVLAIIFFGCLFAFSTAK	18	2	1	AT5G42020.1	S8(Phospho); C19(Carbamidomethyl); T25(Phospho)		3055.44668	0.031338	0.6557734	0	0.1	S(3): 40.0; S(8): 40.0; T(9): 40.0; S(24): 40.0; T(25): 40.0
	VQQLLKDFFEGKEPNK	1	3	2	AT5G28540.1;AT5G42020.1	Q2(Deamidated); Q3(Deamidated)		1921.98722	0.247265	0.9894916			
	EEATKLGSVIGIDLGTTYSCVGVYKNGHVEI	3	2	1	AT5G42020.1	T4(Phospho); T17(Phospho); S19(Phospho); C20(Carbamidomethyl); Y24(Phospho)		4497.97803	0.601267	1	0	0.0	T(4): 57.1; S(8): 57.1; T(16): 57.1; T(17): 57.1; Y(18): 57.1; S(19): 57.1; Y(24): 57.1
AT4G30630.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thi	7.59	1	1		1		1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LSESGGLEVPRKPSGERK	1	1	1	AT4G30630.1	S14(Phospho)		2006.01230	0.031388	0.6183366	32	1.0	S(2): 0.1; S(4): 0.2; S(14): 99.7
AT1G21650.3	Preprotein translocase SecA family pro	5.15	3	1		4		15					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TGEGKTLVSTLAAYLNALTGEGVHVVTVNI	7	3	1	AT1G21650.3	S9(Phospho); T10(Phospho); T19(Phospho); T27(Phospho)		3980.81557	0.032771	0.6763011	3	0.0	T(1): 46.6; T(6): 49.2; S(9): 50.8; T(10): 51.3; Y(14): 50.2; T(19): 52.0; T(27): 52.4; Y(31): 47.5
	VMALIHIEGTEPVCVSGDGGGGIFVWSTTI	6	1	1	AT1G21650.3	T10(Phospho); C14(Carbamidomethyl); S27(Phospho); T29(Phospho)		4467.03139	0.158885	1	1	0.1	T(10): 52.5; S(16): 57.7; S(27): 64.7; T(28): 62.5; T(29): 62.5
	KAKSVVTESLEK	1	3	1	AT1G21650.3	S9(Phospho)		1398.72441	0.218351	1	54	0.9	S(4): 0.2; T(7): 9.4; S(9): 90.4
	KNSSLRR	1	3	1	AT1G21650.3			860.50212					
AT5G64090.1	FUNCTIONS IN: molecular_function unl	3.13	1	1		1		1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ASHDLNPQAILATR	1	1	1	AT5G64090.1	T13(Phospho)		1586.76555	0.035	0.6582299	57	1.0	S(2): 0.0; T(13): 100.0
AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family protein	43.12	1	10		11		152					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LDTSEDSAGAAPLLK	20	1	1	AT4G26780.1			1487.75969	0	7.32551E-07			
	VIRPAEVGVTQGGENQEEKK	36	1	1	AT4G26780.1			2168.12308	0	3.4698E-09			
	VIRPAEVGVTQGGENQEEK	24	1	1	AT4G26780.1			2040.03147	0	1.06525E-08			
	SLLDVADNLGR	16	1	1	AT4G26780.1			1172.62627	0	1.99844E-06			
	KTHTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	12	1	1	AT4G26780.1			3000.43838	0	0.00082906			
	TSEEKPTAEANQPGLDSESK	8	1	1	AT4G26780.1			2117.97892	0	5.22881E-06			
	THTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	8	1	1	AT4G26780.1			2872.33339	0	0.000281749			
	TSEEKPTAEANQPGLDSESK	4	1	1	AT4G26780.1	Q12(Deamidated)		2118.98142	0	0.000887788			

	YDPINEPFDPNRHNAVFQVPDASKPEGTV	1	1	1	AT4G26780.1	Q18(Deamidated)		3802.88711	0.000059	0.001502828			
	THTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	2	1	1	AT4G26780.1	N18(Deamidated)		2873.33755	0.000225	0.009129234			
	TYAEMENVMDR	1	1	1	AT4G26780.1	M5(Oxidation); M9(Oxidation)		1390.55608	0.001573	0.02853023			
	YDPINEPFDPNRHNAVFQVPDASKPEGTV	8	1	1	AT4G26780.1			3801.89313	0.002482	0.05347503			
	KTHTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	5	1	1	AT4G26780.1	N19(Deamidated)		3001.43007	0.002564	0.05875212			
	VIRPAEVGVTQGGENQEEKK	3	1	1	AT4G26780.1	Q16(Deamidated)		2169.12632	0.006446	0.1681703			
	ASSVVKESFSKLDTSEDSAGAAPLLK	2	1	1	AT4G26780.1	S8(Phospho); S10(Phospho)		2797.30239	0.035369	0.7057733	17	0.5	S(2): 17.4; S(3): 17.4; S(8): 66.9; S(10): 66.9; T(14): 10.4; S(15): 10.4; S(18): 10.4
	TLLEGVEMTEK	2	1	1	AT4G26780.1	M8(Oxidation)		1265.62749					
AT5G11670.1	NADP-malic enzyme 2	35.37	1	12		12		167					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	FAESSMYSPVYR	5	1	1	AT5G11670.1	M6(Oxidation)		1452.64739	0	2.60053E-07			
	AIFGSGSPFDPVVYDGK	12	1	1	AT5G11670.1			1755.86077	0	2.82949E-05			
	TYLPGQANNCYIFPGLGLGLIMSGAIR	16	1	1	AT5G11670.1	C10(Carbamidomethyl)		2896.48331	0	9.28562E-07			
	TYDLGLASNLPR	24	1	1	AT5G11670.1			1319.69499	0	3.02029E-05			
	FAESSMYSPVYR	24	1	1	AT5G11670.1			1436.64543	0	1.83942E-05			
	DAHYLTGLLPPVILSQDVQER	32	1	1	AT5G11670.1			2364.25577	0	2.51567E-06			
	DLIGAVNAIKPTVLIGTSGVGQTFTK	8	1	1	AT5G11670.1			2600.46860	0	2.31725E-05			
	GSTPTDLPGEDVADNR	4	1	1	AT5G11670.1	N-Term(Acetyl)		1685.75334	0	3.12563E-05			
	YNKGLAFTDKER	8	2	1	AT5G11670.1			1441.73984	0	2.48962E-05			
	TYLPGQANNCYIFPGLGLGLIMSGAIR	3	1	1	AT5G11670.1	Q6(Deamidated); C10(Carbamidomethyl)		2897.47702	0	0.004415979			
	DAHYLTGLLPPVILSQDVQER	2	1	1	AT5G11670.1	Q16(Deamidated)		2365.24491	0	0.003765911			
	VRDDMLLAASEALAAQVTEEHYANGLIYP	8	1	1	AT5G11670.1	Q16(Deamidated)		3875.94912	0.000059	0.000673298			
	VRDDMLLAASEALAAQVTEEHYANGLIYP	12	1	1	AT5G11670.1			3874.92397	0.000478	0.01279926			
	LLIDNVEELLPVVYTPTVGEACQK	2	2	1	AT5G11670.1	N5(Deamidated); C22(Carbamidomethyl)		2701.41410	0.001592	0.03221421			
	YNKGLAFTDK	4	2	1	AT5G11670.1			1156.59770	0.006575	0.2151656			
	LLIDNVEELLPVVYTPTVGEACQKYGSIFR	3	1	1	AT5G11670.1	Y14(Phospho); C22(Carbamidomethyl)		3503.75095	0.038765	0.7365789	12	0.5	Y(14): 47.3; T(15): 13.2; T(17): 13.2; Y(25): 13.2; S(27): 13.2
AT5G20700.1	Protein of unknown function (DUF581)	15.73	1	2		2		4					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ISELLVGVNRSTAAPFFDVLMTSPKSPLDFK	3	1	1	AT5G20700.1	S2(Phospho); S11(Phospho)		3539.72312	0.038956	0.7528603	6	0.2	S(2): 42.6; S(11): 42.6; T(12): 42.6; T(22): 24.1; S(23): 24.1; S(26): 24.1
	STAAPFFDVLMTSPKSPLDFKILPQISQR	1	1	1	AT5G20700.1			3234.71240	0.179311	1			
AT5G35630.1	glutamine synthetase 2	71.40	1	29		33		992					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VSGEVPWFGIEQEYTLLQQNVK	24	1	1	AT5G35630.1			2564.30107	0	7.6252E-10			
	WNYDGSSTGQAPGEDSEVILYPQAIFRDP	40	1	1	AT5G35630.1			3515.64695	0	2.59709E-09			
	GGNNILVICDTWTPAGEPIPTNK	24	1	1	AT5G35630.1	C9(Carbamidomethyl)		2467.22490	0	1.82181E-09			
	HETASIDQFSWGVANR	36	1	1	AT5G35630.1			1817.85173	0	4.28964E-10			
	IIAEYIWIGGSGIDLR	60	1	1	AT5G35630.1			1775.96526	0	5.57575E-08			
	RLTGKHETASIDQFSWGVANR	40	1	1	AT5G35630.1			2373.19809	0	5.72173E-07			
	ITEQAGVVLTLDPKPIEGDWNGAGCHTNY	36	1	1	AT5G35630.1	C25(Carbamidomethyl)		3471.67746	0	9.42775E-10			
	LTGKHETASIDQFSWGVANR	36	1	1	AT5G35630.1			2217.09958	0	4.94876E-08			
	WPLGWPVGAFPGPQGPYYCGVGADKIW	16	1	1	AT5G35630.1	C19(Carbamidomethyl)		3188.55906	0	3.42774E-07			
	VETLLNLDTKPYSDR	72	1	1	AT5G35630.1			1763.91374	0	1.998E-06			
	RPASNMDPYIVTSLLAETTLLWEPTLEAEA	36	1	1	AT5G35630.1			3842.97500	0	5.54489E-07			
	GGNNILVICDTWTPAGEPIPTNKR	52	1	1	AT5G35630.1	C9(Carbamidomethyl)		2623.32158	0	0.000140399			
	WNYDGSSTGQAPGEDSEVILYPQAIFR	28	1	1	AT5G35630.1			3000.40972	0	5.0472E-05			
	KVSGEVPWFGIEQEYTLLQQNVK	16	1	1	AT5G35630.1			2692.39798	0	5.77238E-06			
	SMREEGGFEVIKK	6	1	1	AT5G35630.1	M2(Oxidation)		1525.76557	0	2.81043E-07			
	TIEKPVEDPSELPK	52	1	1	AT5G35630.1			1581.83512	0	1.08357E-09			
	KAILNLSLR	8	1	1	AT5G35630.1			1027.66155	0	0.000290311			
	SMREEGGFEVIKK	20	1	1	AT5G35630.1			1509.77240	0	4.3245E-06			
	AILNLSLR	28	1	1	AT5G35630.1			899.56731	0	0.000562203			
	HKEHISAYGEGNER	96	3	2	AT1G66200.1;AT5G35630.1			1626.75730	0	7.31029E-07			
	DPFRGGNNILVICDTWTPAGEPIPTNKR	44	1	1	AT5G35630.1	C13(Carbamidomethyl)		3138.57676	0	1.10671E-05			
	SRTIEKPVEDPSELPK	56	1	1	AT5G35630.1			1824.96842	0	9.91949E-06			
	RPASNMDPYIVTSLLAETTLLWEPTLEAEA	4	1	1	AT5G35630.1	M6(Oxidation)		3858.98916	0	3.7092E-06			
	GKGYLEDRRPASNMDPYIVTSLLAETTLLW	20	1	1	AT5G35630.1			4761.43110	0	0.000254005			
	RPASNMDPYIVTSLLAETTLLWEPTLEAEA	12	1	1	AT5G35630.1	N5(Deamidated)		3843.94626	0	3.87972E-05			
	ITEQAGVVLTLDPKPIEGDWNGAGCHTNY	15	1	1	AT5G35630.1	N21(Deamidated); C25(Carbamidomethyl)		3472.67910	0	1.85488E-07			
	WPLGWPVGAFPGPQGPYYCGVGADK	1	1	1	AT5G35630.1	Q14(Deamidated); C19(Carbamidomethyl)		2677.26542	0	0.000171883			
	HKEHISAYGEGNERR	12	3	2	AT1G66200.1;AT5G35630.1			1782.86245	0	2.53249E-11			
	WPLGWPVGAFPGPQGPYYCGVGADK	4	1	1	AT5G35630.1	C19(Carbamidomethyl)		2676.27134	0	0.000898719			
	WPLGWPVGAFPGPQGPYYCGVGADKIW	1	1	1	AT5G35630.1	Q14(Deamidated); C19(Carbamidomethyl)		3189.54563	0	3.60947E-08			
	VETLLNLDTKPYSDR	1	1	1	AT5G35630.1	N6(Deamidated)		1764.91313	0	5.24107E-06			
	LTGKHETASIDQFSWGVANRGCSIR	12	1	1	AT5G35630.1	C22(Carbamidomethyl)		2790.36049	0	3.91738E-06			
	HETASIDQFSWGVANRGCSIR	8	1	1	AT5G35630.1	C18(Carbamidomethyl)		2391.12465	0	0.001102838			
	WNYDGSSTGQAPGEDSEVILYPQAIFRDP	3	1	1	AT5G35630.1	Q10(Deamidated)		3516.65329	0	2.63737E-08			
	LTGKHETASIDQFSWGVANRGCSIR	2	1	1	AT5G35630.1	N19(Deamidated); C22(Carbamidomethyl)		2791.35537	0	0.000832872			
	AKAAEIFSNKK	16	1	1	AT5G35630.1			1206.68241	0.000052	0.000802214			
	EEGGFEVIKK	24	1	1	AT5G35630.1			1135.59819	0.000102	0.01247326			
	GKGYLEDRRPASNMDPYIVTSLLAETTLLW	1	1	1	AT5G35630.1	N13(Deamidated); Q42(Deamidated)		4763.42329	0.000168	0.002841956			
	GKGYLEDRRPASNMDPYIVTSLLAETTLLW	3	1	1	AT5G35630.1	N13(Deamidated)		4762.44301	0.000225	0.001895174			
	GKGYLEDR	4	1	1	AT5G35630.1			937.47087	0.000529	0.01776664			
	GKGYLEDRRPASNMDPYIVTSLLAETTLLW	2	1	1	AT5G35630.1	M14(Oxidation)		4777.42200	0.000673	0.02172748			
	RPASNMDPYIVTSLLAETTLLWEPTLEAEA	1	1	1	AT5G35630.1	N5(Deamidated); Q34(Deamidated)		3844.96799	0.00077	0.01597948			
	EHISAYGEGNERR	12	3	2	AT1G66200.1;AT5G35630.1			1517.70554	0.000835	0.02665749			
	EHISAYGEGNER	4	3	2	AT1G66200.1;AT5G35630.1			1361.60979	0.00203	0.05564071			
	RPASNMDPYIVTSLLAETTLLWEPTLEAEA	2	1	1	AT5G35630.1	N5(Deamidated); Q34(Deamidated)		4371.29587	0.011866	0.3407767			
	SKSRTIEKPVEDPSELPK	2	1	1	AT5G35630.1	T5(Phospho); S14(Phospho)		2200.02555	0.04041	0.7502932	4	0.2	S(1): 50.0; S(3): 50.0; T(5): 50.0; S(14): 50.0
AT1G80380.3	P-loop containing nucleoside triphosph	45.05	4	13		14		136					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**		**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LSVETLEALSK	20	3	1	AT1G80380.3			1189.66606	0	1.24121E-05			
	AYLPTLYAEGPSGSDPDR	12	4	1	AT1G80380.3			1908.89336	0	6.97573E-07			
	TTLVFALDYLFK	12	3	1	AT1G80380.3			1430.79082	0	1.79445E-05			
	SATISVDDFYLTAEGQAELR	8	3	1	AT1G80380.3			2186.04595	0	0.000127628			
	AYLPTLYAEGPSGSDPDRVLAIDIDEER	12	4	1	AT1G80380.3			3062.49479	0	3.44705E-07			
	KKNPGNALLEYR	20	3	1	AT1G80380.3			1402.77930	0	1.31722E-06			
	VLAIDIDEER	8	4	1	AT1G80380.3			1172.61626	0	4.13237E-05			
	FKDGDDVPPLVIGFSAPQGCGK	8	3	1	AT1G80380.3	C20(Carbamidomethyl)		2304.13254	0	5.25498E-05			
	VGQSIDKWLLYGSQLCR	4	4	1	AT1G80380.3	C16(Carbamidomethyl)		2023.04221	0	0.000542089			
	LYHYYPVFIWCEDQIALHNSK	16	4	1	AT1G80380.3	C12(Carbamidomethyl)		2809.38051	0	0.000112085			
	LFQLNELK	8	4	1	AT1G80380.3			1004.57634	0.000053	0.0012954			
	LSVETLEALSKLTK	4	3	1	AT1G80380.3			1531.89173	0.000186	0.006979134			
	GNAGSHDLKLSVETLEALSKLTK	1	3	1	AT1G80380.3	T22(Phospho)		2491.28416	0.043032	0.7887968	36	0.9	S(5): 0.2; S(11): 0.1; T(14): 0.2; S(19): 9.4; T(22): 90.1
	WLLYGSQLCRLFQLNELK	3	4	1	AT1G80380.3	C9(Carbamidomethyl); Q13(Deamidated); N15(Deamidated)		2283.17868					
AT4G28910.2	novel interactor of JAZ	16.71	1	1		2		25					

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	ASHVSTATDEGSTAENEDVAESEVGGGSS	24	1	1	AT4G28910.2		3317.41616	0	1.17357E-07			
	SDSGQQPPQNFFNDLSKAPTTEAEASTKP	1	1	1	AT4G28910.2	T27(Phospho); S36(Phospho)	4266.85438	0.044161	0.7314337	0	0.0	S(1): 25.0; S(3): 25.0; S(16): 25.0; T(20): 25.0; T(21): 25.0; S(26): 25.0; T(27): 25.0; S(36): 25.0
AT3G48750.1	cell division control 2	10.88	1	2		2	21					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DKVTNETIALKK	20	1	1	AT3G48750.1		1359.77982	0	1.31519E-05			
	TNSLKLADFGLARAFGIPVR	1	1	1	AT3G48750.1	T1(Phospho)	2226.18178	0.045148	0.610872	16	0.5	T(1): 50.0; S(3): 50.0
AT2G24520.1	H(+)-ATPase 5	6.98	1	1		4	36					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ALNLGVNVK	20	5	4	AT5G62670.1;AT2G18960.1;AT4G30190.1;AT2		927.56206	0	0.00441280	2		
	MITGDQLAIGK	12	9	4	AT5G62670.1;AT2G18960.1;AT4G30190.1;AT2		1146.61785	0	0.000230744			
	LGMGTNMYPSSALLGQVKDSSLGALPVDI	2	1	1	AT2G24520.1	S10(Phospho)	3513.71717	0.046113	0.7480564	6	0.3	T(5): 11.2; Y(8): 11.2; S(10): 27.6; S(11): 27.6; S(20): 11.2; S(21): 11.2
	LGMGTNMYPSSALLGQVKDSSLGALPVDI	2	1	1	AT2G24520.1	S20(Phospho); S21(Phospho)	4849.27564	0.207179	1	0	0.1	T(5): 33.3; Y(8): 33.3; S(10): 33.3; S(11): 33.3; S(20): 33.3; S(21): 33.3
AT1G51910.1	Leucine-rich repeat protein kinase fam	4.79	1	1		2	3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SGHVLSWENRMQIAMEAAQGLEYLHNG	2	1	1	AT1G51910.1	S1(Phospho)	4081.91782	0.049239	0.813592	2	0.3	S(1): 30.0; S(6): 30.0; Y(23): 20.0; S(28): 20.0
	LQVCLVK	1	1	1	AT1G51910.1	C4(Carbamidomethyl)	859.50334					
AT4G34740.1	GLN phosphoribosyl pyrophosphate an	6.06	1	1		1	4					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	MAATSSISSSLSLNAKPNKLSNNNNNNKPI	4	1	1	AT4G34740.1	S5(Phospho); S6(Phospho); S8(Phospho)	3965.82387	0.049336	0.8146052	5	0.0	T(4): 49.2; S(5): 49.2; S(6): 49.2; S(8): 30.5; S(9): 30.5; S(10): 30.5; S(12): 30.5; S(21): 30.5
AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 1	14.26	1	1		4	11					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	AGNASLEEVVMAIK	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		1431.74993	0	6.31435E-06			
	LGVDIIEAGFPAASK	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		1487.80876	0	0.000283748			
	TIAETVGNTVDENGYVPVICGLSR	2	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1	N13(Deamidated); C20(Carbamidomethyl)	2565.25835	0.000059	0.000879685			
	ESSILKSPNLSSPSFGVPSIPALSSSSTSPFSSL	1	1	1	AT1G74040.1	S26(Phospho); S27(Phospho); T28(Phospho); S29(Phospho)	4120.82700	0.04948	0.8151267			Too many isoforms

Tabelle B3-d: List of Phosphoproteins linked to the associated phosphopeptides identified in this study

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccatior	98.59	1	109	110	4566						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	32	1	1	AT5G52310.1		4150.87680	0	1.07033E-10			
	NSPMGFGSESGAELEK	20	1	1	AT5G52310.1		1639.72417	0	3.56049E-10			
	HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	108	1	1	AT5G52310.1		4265.85952	0	9.66708E-17			
	NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	32	1	1	AT5G52310.1		2233.04253	0	3.24478E-07			
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	68	1	1	AT5G52310.1		2575.24454	0	2.60816E-12			
	ISTEKAASEEGEAVEEEVK	60	1	1	AT5G52310.1		2034.96977	0	1.55943E-09			
	LPISGGGSGVEEQR	24	1	1	AT5G52310.1		1385.69988	0	7.34052E-08			
	EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	28	1	1	AT5G52310.1		3509.55759	0	2.51153E-07			
	DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQRGEDK	56	1	1	AT5G52310.1		3004.42820	0	1.59316E-06			
	IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	92	1	1	AT5G52310.1		2752.35440	0	1.1587E-07			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	44	1	1	AT5G52310.1		2371.03324	0	2.32865E-12			
	AASEEGEAVEEEVK	28	1	1	AT5G52310.1		1476.66875	0	1.87488E-06			
	NSPMGFGSESGAELEK	6	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	1655.71990	0	1.37798E-08			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	10	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	3496.70835	0	1.92027E-08			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	28	1	1	AT5G52310.1		2699.28301	0	4.73689E-07			
	DYVAEKLTTEEEDK	36	1	1	AT5G52310.1		1669.77800	0	6.28563E-08			
	SSGWFGGGATEEVKPK	44	1	1	AT5G52310.1		1636.79387	0	3.82746E-08			
	LTPVNEKDQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	80	1	1	AT5G52310.1		3356.67368	0	6.40297E-05			
	SKEFKEFDQDFDSVLGK	88	1	1	AT5G52310.1		2018.96665	0	3.93429E-09			
	DSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	72	1	1	AT5G52310.1		2852.36064	0	0.001077774			
	SHEFDLKTESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	40	1	1	AT5G52310.1		3227.42649	0	1.33438E-10			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	17	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	2387.02805	0	3.08112E-11			
	VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHSVR	56	1	1	AT5G52310.1		3556.73105	0	5.46859E-07			
	EFDQDFDSVLGK	24	1	1	AT5G52310.1		1399.63774	0	4.34759E-06			
	SHEFDLKTESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	17	1	1	AT5G52310.1	M18(Oxidation)	3243.44089	0	3.79814E-08			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	28	1	1	AT5G52310.1		3480.72141	0	2.86442E-10			
	SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	64	1	1	AT5G52310.1		3231.52732	0	6.53001E-09			
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	36	1	1	AT5G52310.1		3699.80857	0	4.98478E-05			
	QSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	36	1	1	AT5G52310.1		3536.66965	0	3.02481E-06			
	ETTTKEVEKISTEK	44	1	1	AT5G52310.1		1622.84612	0	0.000306021			
	ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	16	1	1	AT5G52310.1		2706.27480	0	3.69909E-08			
	SHDFDMKTETGMDTNSPSR	8	1	1	AT5G52310.1		2155.89750	0	6.08018E-09			
	ETNVPASEEIIPPGTK	88	1	1	AT5G52310.1		1681.86284	0	1.71475E-06			
	DFPTRSHDFDMKTETGMDTNSPSR	28	1	1	AT5G52310.1		2772.19699	0	8.01079E-08			
	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	28	1	1	AT5G52310.1		2151.95830	0	3.17366E-06			
	EFDQDFDSVLGKDSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	52	1	1	AT5G52310.1		4232.97324	0	1.6019E-05			
	TETGMDTNSPSR	16	1	1	AT5G52310.1		1295.55107	0	3.62519E-05			
	NESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	64	1	1	AT5G52310.1		2409.09892	0	3.35106E-05			
	ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	13	1	1	AT5G52310.1	M24(Oxidation)	2722.28237	0	1.81295E-09			
	ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	72	1	1	AT5G52310.1		4004.82436	0	5.03427E-07			
	SHELDLKNESDIDK	28	1	1	AT5G52310.1		1642.78826	0	0.000533248			
	TETLDQFSPELSHPK	60	1	1	AT5G52310.1		1728.84172	0	2.4105E-05			
	GRPGYGEASEEDKFPAR	80	1	1	AT5G52310.1		1865.87529	0	3.02297E-06			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	24	1	1	AT5G52310.1		3827.90273	0	9.74684E-06			
	DYVAEKLTTEEEDKAFSDMVAEK	8	1	1	AT5G52310.1		2648.22159	0	3.54625E-09			
	DVPTGFDGEPDFLAK	44	1	1	AT5G52310.1		1607.75469	0	8.70297E-05			
	GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	12	1	1	AT5G52310.1		2511.17026	0	1.76426E-07			
	TETLDQFSPELSHPKER	116	1	1	AT5G52310.1		2013.98735	0	6.20012E-09			
	DSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEKDFPTR	40	1	1	AT5G52310.1		3468.66355	0	1.63546E-07			
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	36	1	1	AT5G52310.1		3058.45732	0	1.47761E-05			
	EFDQKNDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	80	1	1	AT5G52310.1		3409.57468	0	1.01632E-06			
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	20	1	1	AT5G52310.1		2147.98491	0	2.01025E-07			
	SDDVEVETELGRDPK	60	1	1	AT5G52310.1		1688.79595	0	1.15858E-05			
	GRPGYGEASEEDKFPARSDDVEVETELGR	32	1	1	AT5G52310.1		3195.48281	0	2.11904E-07			
	DEFKESRDDFEETR	72	1	1	AT5G52310.1		1802.78135	0	0.002230272			
	SDDVEVETELGR	16	1	1	AT5G52310.1		1348.62065	0	4.29895E-06			
	RDVPIHHPLSELSDR	80	1	1	AT5G52310.1		1770.92278	0	0.001640679			
	QSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	8	1	1	AT5G52310.1		4318.10122	0	0.00012665			
	SHDFDMKTETGMDTNSPSR	11	1	1	AT5G52310.1	M6(Oxidation)	2171.89359	0	2.36408E-05			
	SVSGRDYVAEKLTTEEEDK	28	1	1	AT5G52310.1		2156.03208	0	2.11814E-06			
	NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	20	1	1	AT5G52310.1		2762.26169	0	7.00592E-08			
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	36	1	1	AT5G52310.1		3186.55918	0	0.000128613			
	TETLDQFSPELSHPKERDEFK	72	1	1	AT5G52310.1		2533.22037	0	0.000435488			
	NSLTKHGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	64	1	1	AT5G52310.1		4809.15601	0	2.98139E-11			
	DVPIHHPLSELSDREESR	44	1	1	AT5G52310.1		2116.04213	0	0.000130866			
	TEEPKQSTYTEK	36	1	1	AT5G52310.1		1440.68242	0	0.000108793			
	TETGMDTNSPSRSHEFDLK	17	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	2167.94731	0	2.19566E-05			
	DEKTEEPKQSTYTEK	32	1	1	AT5G52310.1		1812.85124	0	8.49759E-05			
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGRIK	12	1	1	AT5G52310.1		2389.16013	0	8.41291E-05			
	AFSDMVAEKLQIGGEEEK	28	1	1	AT5G52310.1		1980.95505	0	1.19112E-07			
	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	60	1	1	AT5G52310.1		3809.89707	0	3.95326E-06			
	ESRDDFEETR	20	1	1	AT5G52310.1		1283.54741	0	0.000139788			
	FPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	24	1	1	AT5G52310.1		2354.11650	0	0.000172474			
	DFPTRSHDFDMKTETGMDTNSPSR	18	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	2788.18398	0	2.77673E-05			
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQKEL	36	1	1	AT5G52310.1		2434.24637	0	0.004061207			
	AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	9	1	1	AT5G52310.1	M19(Oxidation)	2163.98069	0	8.0794E-06			
	TESGNDKNSPMGFGSESGAELEKEFDQK	8	1	1	AT5G52310.1		3018.32192	0	6.44612E-06			
	DVPIHHPLSELSDR	104	1	1	AT5G52310.1		1614.82175	0	2.47319E-05			
	GGGGMVGRIKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	8	1	1	AT5G52310.1		3423.66651	0	1.35133E-06			
	VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	8	1	1	AT5G52310.1	M22(Oxidation)	4166.88491	0	1.27347E-08			
	DFPTRSHDFDMKTETGMDTNSPSR	15	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation); M17(Oxidation)	2804.18276	0	9.88348E-06			
	FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	8	1	1	AT5G52310.1	M4(Oxidation)	2715.27910	0	1.03641E-06			
	EFKEFDQDFDSVLGK	36	1	1	AT5G52310.1		1803.84355	0	0.000102479			
	SPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	44	1	1	AT5G52310.1		2192.11724	0	8.41361E-09			
	SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	24	1	1	AT5G52310.1		3012.30329	0	5.17974E-05			
	EESRETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQRK	40	1	1	AT5G52310.1		4634.14516	0	2.13386E-07			
	SHDFDMKTETGMDTNSPSR	9	1	1	AT5G52310.1	M6(Oxidation); M12(Oxidation)	2187.88620	0	9.66847E-08			
	NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVRSHELDLK	44	1	1	AT5G52310.1		3055.46335	0	2.9044E-07			
	TETGMDTNSPSRSHEFDLKTESGNDK	12	1	1	AT5G52310.1		2883.26504	0	0.001012312			
	GEDKSVSGRDYVAEK	16	1	1	AT5G52310.1		1639.78965	0	0.000878725			
	LTTEEEDKAFSDMVAEKLQIGGEEEK	8	1	1	AT5G52310.1		2926.38979	0	0.000214801			

EEKRDVPIHHPLSELSDR	24	1	1	AT5G52310.1		2157.10293	0	0.000455821			
NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVRSHELDLK	16	1	1	AT5G52310.1		3584.69221	0	1.35653E-05			
SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLGSTVVPVQKEL	12	1	1	AT5G52310.1		4052.00918	0	0.000235098			
EVEKISTEKAASEEGEAVEEEVK	44	1	1	AT5G52310.1		2520.21384	0	6.25128E-10			
MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	13	1	1	AT5G52310.1	N-Term(Acetyl)	3304.45053	0	6.65415E-08			
MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATKMFR	1	1	1	AT5G52310.1	N-Term(Acetyl)	3738.64931	0	1.11292E-05			
ISTEKAASEEGEAVEEEVK	36	1	1	AT5G52310.1	S8(Phospho)	2114.93437	0	0.001124679	172	1.0	S(2): 0.0; T(3): 0.0; S(8): 100.0
ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	9	1	1	AT5G52310.1	S8(Phospho)	2786.25107	0	2.0553E-07	69	1.0	S(2): 0.3; T(3): 0.3; S(8): 99.5
GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	9	1	1	AT5G52310.1	S15(Phospho)	2591.13938	0	2.21174E-07	97	1.0	T(8): 0.0; S(15): 99.7; S(18): 0.3
EVEKISTEKAASEEGEAVEEEVK	27	1	1	AT5G52310.1	S12(Phospho)	2600.17765	0	0.000184025	80	1.0	S(6): 0.2; T(7): 0.2; S(12): 99.6
IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	35	1	1	AT5G52310.1	S17(Phospho)	2832.31931	0	6.03333E-07	81	1.0	T(10): 0.0; S(17): 99.8; S(20): 0.2
TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	9	1	1	AT5G52310.1	S15(Phospho)	2451.00107	0	8.89552E-11	139	1.0	T(1): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 0.0; S(15): 100.0; S(17): 0.0
DVPIHHPLSELSDREESR	16	1	1	AT5G52310.1	S12(Phospho)	2196.00400	0	0.00699067	4	0.2	S(9): 74.3; S(12): 18.1; S(17): 7.6
MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	22	1	1	AT5G52310.1	T4(Phospho)	3342.40517	0	0.000179635	20	0.9	T(4): 90.6; T(11): 8.5; T(27): 0.9
HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	61	1	1	AT5G52310.1	Q3(Deamidated)	4266.87412	0	9.27873E-10			
HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	33	1	1	AT5G52310.1	Q3(Deamidated); Q9(Deamidated)	4267.84682	0	3.63925E-11			
FASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	6	1	1	AT5G52310.1	Q18(Deamidated)	3481.71677	0	1.90284E-06			
DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQRGEDK	4	1	1	AT5G52310.1	Q24(Deamidated)	3005.43601	0	2.75599E-06			
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQRK	16	1	1	AT5G52310.1	Q36(Deamidated)	4133.93471	0	3.14196E-06			
VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	3	1	1	AT5G52310.1	Q26(Deamidated)	3700.80246	0	8.58954E-07			
EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	3	1	1	AT5G52310.1	N15(Deamidated); Q29(Deamidated)	3511.54685	0	1.66961E-06			
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	10	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated)	4005.82468	0	0.000772177			
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQRK	3	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated); Q36(Deamidated)	4134.90708	0	8.02918E-08			
EESRETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	6	1	1	AT5G52310.1	N12(Deamidated)	4507.03628	0	1.69015E-05			
LTPVNEKDQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	6	1	1	AT5G52310.1	Q9(Deamidated)	3357.66591	0	1.24234E-06			
NSLTKHGQSNEHEQDHDLVEEDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	32	1	1	AT5G52310.1	N1(Deamidated)	4810.15883	0	5.56007E-06			
KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	9	1	1	AT5G52310.1	Q27(Deamidated)	3828.89321	0	1.77405E-05			
TESGNDKNSPMGFGSESGAELEK	2	1	1	AT5G52310.1	N5(Deamidated); N8(Deamidated)	2373.01242	0	8.18463E-07			
DFPTRSHDFDMKTETGMDTNSPSR	2	1	1	AT5G52310.1	N20(Deamidated)	2773.19785	0	2.46745E-05			
NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	6	1	1	AT5G52310.1	N1(Deamidated)	2763.27225	0	3.93254E-05			
QSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	12	1	1	AT5G52310.1	Q1(Deamidated)	4319.10024	0	1.81359E-05			
SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	8	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated)	3232.51462	0	2.6796E-06			
EESRETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQRK	12	1	1	AT5G52310.1	N12(Deamidated)	4635.14174	0	2.85406E-08			
EFDQDFDSVLGKDSPAKFPGESGVVFPVGFGDESGAELEK	3	1	1	AT5G52310.1	Q4(Deamidated)	4233.97739	0	2.92717E-05			
LTTEEEDKAFSDMVAEKLQJGGEEEK	1	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	2927.38125	0	0.000128121			
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQRK	52	1	1	AT5G52310.1		4132.91958	0	5.89334E-06			
EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	14	1	1	AT5G52310.1	M16(Oxidation)	3525.54380	0	9.30522E-08			
TTFTSDKEEKR	8	1	1	AT5G52310.1		1341.66118	0	2.70014E-06			
TETGMDTNSPSR	6	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1311.54680	0	1.57463E-05			
AFSDMVAEKLQJGGEEEKK	12	1	1	AT5G52310.1		2109.05234	0	0.000752718			
EESRETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	24	1	1	AT5G52310.1		4506.02846	0	0.000546847			
AFSDMVAEKLQJGGEEEK	8	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1996.95281	0	4.23139E-06			
SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	7	1	1	AT5G52310.1	M12(Oxidation)	3028.29238	0	6.40223E-07			
TEEPKQSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	8	1	1	AT5G52310.1	M16(Oxidation)	4136.94399	0	2.86087E-05			
TESGNDKNSPMGFGSESGAELEKEFDQK	8	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	3034.32290	0	0.000102573			
VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHSVRTTFTSDK	12	1	1	AT5G52310.1		4337.09608	0	0.000790778			
VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	6	1	1	AT5G52310.1	N21(Deamidated)	4151.89377	0	8.57215E-13			
VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	6	1	1	AT5G52310.1	N2(Deamidated); N24(Deamidated)	3701.78501	0	2.9058E-09			
EETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	6	1	1	AT5G52310.1	Q25(Deamidated)	3510.56723	0	1.08388E-10			
NSLTKHGQSNEHEQDHDLVEEDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	42	1	1	AT5G52310.1	Q8(Deamidated); Q14(Deamidated)	4811.13630	0	9.5616E-05			
DYVAEKLTTEEEDKAFSDMVAEK	5	1	1	AT5G52310.1	M19(Oxidation)	2664.23270	0	1.70839E-08			
QSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	8	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	3552.65549	0	1.67099E-08			
LTTEEEDKAFSDMVAEKLQJGGEEEK	5	1	1	AT5G52310.1	M13(Oxidation)	2942.36855	0	0.000120852			
QSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEKLTPVNEK	3	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	4334.09829	0	7.44826E-05			
NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVRSHELDLKNESDIDK	12	1	1	AT5G52310.1		3856.82143	0	9.53648E-05			
AFSDMVAEKLQJGGEEEKK	5	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	2125.04642	0	8.95299E-06			
AASEEGEAVEEEVK	2	1	1	AT5G52310.1	S3(Phospho)	1556.63506	0	0.000687054	146	1.0	S(3): 100.0
SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	8	1	1	AT5G52310.1	S10(Phospho)	3311.49355	0	0.002767497	58	1.0	S(1): 0.6; S(10): 98.8; T(18): 0.6
NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	2	1	1	AT5G52310.1	N1(Deamidated)	2234.04253	0	2.14866E-08			
DQETESAVTTKLPISGGGSGVEEQR	7	1	1	AT5G52310.1	Q24(Deamidated)	2576.23459	0	1.16728E-05			
EFDQKNDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	4	1	1	AT5G52310.1	N11(Deamidated)	3410.55246	0	1.26155E-05			
NSLTKHGQSNEHEQDHDLVEEDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	4	1	1	AT5G52310.1	N1(Deamidated); Q8(Deamidated); Q14(Deamidated)	4812.13636	0	2.65017E-05			
VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHSVRTTFTSDK	3	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	4338.08315	0	7.65503E-05			
KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	6	1	1	AT5G52310.1	N3(Deamidated)	3187.55710	0	1.50143E-05			
NEYSPESDGGLGAPLGGNFPVRSHELDLKNESDIDK	2	1	1	AT5G52310.1	N30(Deamidated)	3857.78823	0	0.00054046			
MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATK	4	1	1	AT5G52310.1	M1(Oxidation)	3278.43569	0	2.18721E-05			
VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHSVR	2	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	3557.73484	0	5.176E-10			
VFPVVSSDYTKPTESVPVQEASYGHDAPAHSVRTTFTSDKEEK	1	1	1	AT5G52310.1	Q19(Deamidated)	4724.27895	0	6.81104E-06			
DDFEETRDEK	16	1	1	AT5G52310.1		1283.53508	0.000087	0.002836227			
DDFEETRDEKTEEPK	32	1	1	AT5G52310.1		1867.81601	0.000087	0.000353365			
GRPGYGEASEEDK	8	1	1	AT5G52310.1		1394.61545	0.000087	0.002363085			
SDDVEVETELGRDPKTETLDQFSPELSHPK	2	1	1	AT5G52310.1	Q21(Deamidated)	3399.61318	0.0001	0.003132847			
TETGMDTNSPSRSHEFDLK	7	1	1	AT5G52310.1	S9(Phospho)	2231.92508	0.00013	0.000435515	28	0.6	T(1): 0.3; T(3): 0.7; T(7): 16.1; S(9): 62.0; S(11): 16.1; S(13): 4.8
DFPTRSHDFDMK	18	1	1	AT5G52310.1	M11(Oxidation)	1511.66050	0.000146	0.002127397			
SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	7	1	1	AT5G52310.1	M6(Oxidation); M12(Oxidation)	3044.29799	0.000146	0.002139686			
LTTEEEDKAFSDMVAEK	1	1	1	AT5G52310.1	M13(Oxidation)	1958.88462	0.000146	0.001471136			
TETGMDTNSPSRSHEFDLKTESGNDK	4	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	2899.25771	0.000146	0.000190737			
SHEFDLKTESGNDK	8	1	1	AT5G52310.1		1606.73288	0.000146	0.000755025			
DFPTRSHDFDMK	28	1	1	AT5G52310.1		1495.66350	0.000164	0.006111752			
SDDVEVETELGRDPKTETLDQFSPELSHPK	4	1	1	AT5G52310.1		3398.61391	0.000186	0.002063734			
ESRDDFEETRDEK	4	1	1	AT5G52310.1		1655.70993	0.000192	0.001210978			
DPKTETLDQFSPELSHPK	8	1	1	AT5G52310.1		2069.02329	0.000194	0.005478622			
NESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	2	1	1	AT5G52310.1	N1(Deamidated)	2410.10307	0.000194	0.001822302			
VTDPTKEETGGVPEIAESFGNMEVTDESPDQKPGQFER	6	1	1	AT5G52310.1	N21(Deamidated); Q31(Deamidated)	4152.88149	0.000209	0.006972075			
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	2	1	1	AT5G52310.1	N8(Deamidated); Q36(Deamidated)	4006.80356	0.000209	0.003193795			
TETLDQFSPELSHPKERDEFK	1	1	1	AT5G52310.1	Q6(Deamidated)	2534.21445	0.000239	0.002751365			
ERDEFKESR	4	1	1	AT5G52310.1		1195.56841	0.00024	0.009279521			
LQJGGEEEKKETTTK	16	1	1	AT5G52310.1		1690.88156	0.000266	0.004096346			
SHEFDLK	16	3	2	AT5G52300.1;AT5G52310.1		875.42516	0.000313	0.01178009			
TETLDQFSPELSHPKER	4	1	1	AT5G52310.1	Q6(Deamidated)	2014.96877	0.000355	0.008684774			
SKEFKEFDQDFDSVLGK	1	1	1	AT5G52310.1	Q9(Deamidated)	2019.96831	0.000362	0.01511672			
AFSDMVAEK	1	1	1	AT5G52310.1	M5(Oxidation)	1013.45928	0.000488	0.00214512			
DEFKESR	12	1	1	AT5G52310.1		910.42381	0.000614	0.04185742			
RDVPIHHPLSELSDREESR	6	1	1	AT5G52310.1	S13(Phospho)	2352.10805	0.000701	0.01069394	20	0.7	S(10): 23.3; S(13): 67.4; S(18): 9.2
SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	5	1	1	AT5G52310.1	T14(Phospho)	3092.26967	0.001083	0.01906733	13	0.1	S(1): 1.6; T(8): 36.0; T(10): 36.0; T(14): 6.6; S(16): 6.6; S(18): 6.6; S(20): 6.6

	MDQTEEPPLNTHQQHPEEVEHHENGATKMFR	1	1	1	AT5G52310.1	M1(Oxidation); M29(Oxidation)	3728.62470	0.001155	0.02186205				
	NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVRSHELDLK	3	1	1	AT5G52310.1	N23(Deamidated)	3585.70815	0.001158	0.02712492				
	RDVPIHHPLSELSDR	6	1	1	AT5G52310.1	S13(Phospho)	1850.89052	0.001195	0.05829577	24	0.8	S(10): 19.7; S(13): 80.3	
	KVNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSKVTDPTK	3	1	1	AT5G52310.1	N25(Deamidated); Q27(Deamidated)	3829.89248	0.001296	0.01942726				
	SHELDLK	4	1	1	AT5G52310.1		841.43987	0.001546	0.02542112				
	TEEPKQSTYTEKFASMLGYSGEIPVGDQTQVAGTVDEK	3	1	1	AT5G52310.1	Q6(Deamidated)	4121.96206	0.001744	0.04431486				
	EVEKISTEK	4	1	1	AT5G52310.1		1062.56316	0.001754	0.04256662				
	DVPIHHPLSELSDR	2	1	1	AT5G52310.1	S12(Phospho)	1694.79032	0.001903	0.07779561	53	1.0	S(9): 2.7; S(12): 97.3	
	SSGWFGGGATEEVKPKSPHSVEESPQSLGSTVVPVQK	15	1	1	AT5G52310.1	S24(Phospho)	3889.87636	0.002315	0.05458935	22	0.2	S(1): 3.7; S(2): 3.7; T(10): 17.6; S(17): 17.6; S(20): 17.6; S(24): 17.6; S(27): 17.6; S(30): 3.7; T(31): 1.0	
	DLSTRSKEFK	16	1	1	AT5G52310.1		1210.63786	0.002507	0.0457052				
	VNVETPITLEEESAVSDYLSGVSNYQSK	3	1	1	AT5G52310.1	N24(Deamidated)	3059.45377	0.015015	0.2655779				
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	28.53	1	32		34	799						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LVADFGSLELSPVDGR	16	4	3	AT1G01320.2;AT1G15290.1;AT4G28080.1		1674.86394	0	2.69231E-08				
	NKPSFPNSTESNGEANQFNGPR	60	1	1	AT4G28080.1		2392.09258	0	3.82558E-06				
	TSSNELSISVAGSTSSPASK	24	1	1	AT4G28080.1		1909.93950	0	1.61141E-07				
	LNTNFMNVTQQPSR	16	1	1	AT4G28080.1		1649.80852	0	0.000125716				
	SALASSACTEQINKPTPMLSPVSVK	20	1	1	AT4G28080.1	C8(Carbamidomethyl)	2616.33231	0	7.39083E-07				
	TVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	16	1	1	AT4G28080.1		2604.18344	0	2.38087E-06				
	AAEKAFPIETAVSNARPGK	48	1	1	AT4G28080.1		1957.05155	0	2.63348E-08				
	KESGSTDGDSPTEKDAGDSNSGLSPKPK	32	1	1	AT4G28080.1		2791.27871	0	8.12707E-07				
	KVENFDLEQSKPQDQLK	24	1	1	AT4G28080.1		2046.04520	0	1.26604E-06				
	DHGGILPSPLNMPPMLPINHVR	12	1	1	AT4G28080.1		2405.25649	0	3.99997E-06				
	SPLNKKQNNSSVVGERPVNDK	32	1	1	AT4G28080.1		2310.21274	0	7.17923E-07				
	DHGGILPSPLNMPPMLPINHVRR	12	1	1	AT4G28080.1		2561.35732	0	6.14597E-05				
	AGKLFSYKEVALAPPGTIVK	44	1	1	AT4G28080.1		2089.20371	0	1.8832E-05				
	SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVKLQK	20	1	1	AT4G28080.1	C11(Carbamidomethyl)	3694.75088	0	3.43163E-06				
	DLCDAELKTVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	24	1	1	AT4G28080.1	C3(Carbamidomethyl)	3548.61880	0	3.24038E-06				
	IVAEQLPEETKAPQNLDAAK	28	1	1	AT4G28080.1		2165.14176	0	0.000325064				
	TVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	40	1	1	AT4G28080.1	S14(Phospho)	2684.14835	0	2.54806E-05	73	1.0	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(14): 96.0; S(15): 3.9; S(18): 0.0; S(19): 0.1	
	SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVK	4	1	1	AT4G28080.1	C11(Carbamidomethyl); N14(Deamidated)	3326.52134	0	5.9741E-07				
	KESGSTDGDSPTEKDAGDSNSGLSPKPK	2	1	1	AT4G28080.1	N20(Deamidated)	2792.28042	0	1.2576E-07				
	NKPSFPNSTESNGEANQFNGPR	53	1	1	AT4G28080.1	Q17(Deamidated)	2393.07053	0	0.000290319				
	SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVK	4	1	1	AT4G28080.1	C11(Carbamidomethyl)	3325.51938	0	1.93017E-11				
	VKGKPGQSPGPVSEENQK	16	1	1	AT4G28080.1		1865.96445	0	0.000864291				
	DLCDAELKTVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	36	1	1	AT4G28080.1	C3(Carbamidomethyl); S22(Phospho)	3628.58567	0	1.6033E-08	59	0.8	T(9): 0.0; T(14): 1.2; S(22): 75.4; S(23): 17.7; S(26): 4.5; S(27): 1.2	
	DLCDAELKTVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	4	1	1	AT4G28080.1	C3(Carbamidomethyl); N16(Deamidated)	3549.61049	0	3.18798E-05				
	SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVK	3	1	1	AT4G28080.1	M4(Oxidation); C11(Carbamidomethyl)	3341.52536	0	1.05102E-08				
	SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVKLQK	5	1	1	AT4G28080.1	M4(Oxidation); C13(Carbamidomethyl)	3710.73989	0	7.79086E-07				
	IAVDGPEKVNAQDAESENK	8	1	1	AT4G28080.1		2013.97135	0	0.001342015				
	EIKNVEVEKAAEK	8	1	1	AT4G28080.1		1486.80759	0	0.000700849				
	DHGGILPSPLNMPPMLPINHVR	4	1	1	AT4G28080.1	M12(Oxidation); M15(Oxidation)	2437.23978	0	1.93142E-06				
	DHGGILPSPLNMPPMLPINHVRR	4	1	1	AT4G28080.1	M12(Oxidation); M15(Oxidation)	2593.34463	0	4.33036E-06				
	AAEKAFPIETAVSNARPGKSK	16	1	1	AT4G28080.1		2172.17983	0.000141	0.003275565				
	KLSASAPPYTPTTIPIFGSIAVPGFK	24	1	1	AT4G28080.1		2660.47116	0.000141	0.00326844				
	ARPKVKGKPGQSPGPVSEENQK	20	1	1	AT4G28080.1		2318.24624	0.000146	0.001557625				
	VENFDLEQSKPQDQLK	12	1	1	AT4G28080.1		1917.95249	0.000149	5.63355E-05				
	VVVGGSELTSSPKEIKNVEVEK	4	1	1	AT4G28080.1		2328.26419	0.000149	0.000357087				
	LNTNFMNVTQQPSR	3	1	1	AT4G28080.1	M6(Oxidation)	1665.79790	0.000153	0.000629014				
	LSASAPPYTPTTIPIFGSIAVPGFK	16	1	1	AT4G28080.1		2532.36235	0.000186	0.001410727				
	IAVDGPEKVNAQDAESENKHVATETEAENTDCNEQGR	8	1	1	AT4G28080.1	C32(Carbamidomethyl)	4055.80274	0.000187	0.002175298				
	ALEQQEAAR	4	1	1	AT4G28080.1		1015.51573	0.000192	0.003412649				
	IAVDGPEKVNAQDAESENKHVATETEAENTDCNEQGR	7	1	1	AT4G28080.1	N29(Deamidated); C32(Carbamidomethyl)	4056.80891	0.000362	0.01458954				
	GHLSVSDLLDYITPDSGIK	4	1	1	AT4G28080.1		2030.03885	0.000415	0.004505562				
	KTEDPKPEPAVKGLGK	4	1	1	AT4G28080.1		1693.94631	0.000503	0.02831716				
	NGTPKPDASISSKGHLSVSDLLDYITPDSGIK	24	1	1	AT4G28080.1		3312.69741	0.000507	0.009066344				
	MFVKSPLNKK	3	1	1	AT4G28080.1	M1(Oxidation)	1207.68573	0.000859	0.01421228				
	EVALAPPGTIVK	24	1	1	AT4G28080.1		1194.70952	0.003706	0.07968347				
	NGTPKPDASISSKGHLSVSDLLDYITPDSGIK	1	1	1	AT4G28080.1	N1(Deamidated)	3313.69082	0.004053	0.0793483				
	VVVGGSELTSSPKEIKNVEVEK	2	1	1	AT4G28080.1	S11(Phospho)	2408.23899	0.004163	0.1029287	14	0.5	S(6): 9.4; T(9): 20.2; S(10): 20.2; S(11): 50.2	
	VASEFKLNDGHILQDIDEDQSEGGANALNVNSLR	4	1	1	AT4G28080.1	N8(Deamidated); Q14(Deamidated); Q21(Deamidated); N32(Deamidated)	3785.82105	0.168621	0.9206718				
AT1G37130.1	nitrate reductase 2	39.37	1	33		34	905						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KGGALNVCFEGSEDLPGGAGTAGSK	40	1	1	AT1G37130.1	C8(Carbamidomethyl)	2379.11894	0	1.27888E-07				
	AHQNQTTNQTVFLKPAK	32	1	1	AT1G37130.1		1926.01444	0	1.1352E-08				
	SNAELEPSVLDPR	48	1	1	AT1G37130.1		1426.71758	0	1.74956E-08				
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	76	1	1	AT1G37130.1		2440.25443	0	9.68754E-06				
	LTGKHPFNSEAPLNR	100	1	1	AT1G37130.1		1680.88108	0	2.35979E-06				
	LEPGLNGVVR	48	1	1	AT1G37130.1		1053.60527	0	0.000173355				
	TNVCKPHKGEIGIVFEHPTLPGNESGGWMAK	8	1	1	AT1G37130.1	C4(Carbamidomethyl)	3390.66884	0	7.04968E-08				
	SYKPPVPGRSDSPK	64	1	1	AT1G37130.1		1514.79792	0	1.57187E-06				
	KSNAELEPSVLDPR	48	1	1	AT1G37130.1		1554.81108	0	0.00014294				
	KHNSADSCWIIVHGHIYDCTR	4	1	1	AT1G37130.1	C8(Carbamidomethyl); C19(Carbamidomethyl)	2569.17739	0	9.59919E-07				
	DEYTADSWIERNPSMVR	20	1	1	AT1G37130.1		2068.93760	0	0.000125867				
	LMHHGFITPVPLHYVR	7	2	2	AT1G77760.1;AT1G37130.1	M2(Oxidation)	1933.02541	0	2.68537E-06				
	LMHHGFITPVPLHYVR	24	2	2	AT1G77760.1;AT1G37130.1		1917.03139	0	2.99425E-05				
	YGTSIKKEYAMDPSR	4	1	1	AT1G37130.1		1745.85056	0	0.000291091				
	DEYTADSWIERNPSMVR	12	1	1	AT1G37130.1	M15(Oxidation)	2084.93113	0	0.000118393				
	SKGFNWGSAGVSTSVWR	8	1	1	AT1G37130.1		1825.89621	0	0.000163465				
	AHQNQTTNQTVFLKPAKVHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	86	1	1	AT1G37130.1	S27(Phospho)	4898.13100	0	0.001270222	18	0.5	T(6): 6.0; T(7): 6.0; T(10): 6.0; S(26): 15.4; S(27): 45.5; T(33): 15.4; S(36): 2.7; Y(40): 1.5; Y(41): 1.5	
	SADAPPSLKKSVSTPFMNTTAK	22	1	1	AT1G37130.1	S13(Phospho)	2358.13785	0	0.000381021	50	0.8	S(1): 0.0; S(7): 0.0; S(11): 4.4; S(13): 75.6; T(14): 17.5; T(19): 1.2; T(20): 1.2	
	VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	24	1	1	AT1G37130.1	S9(Phospho)	2991.14023	0	2.48433E-09	75	0.9	S(9): 85.8; S(10): 14.2; T(16): 0.0; S(19): 0.0; Y(23): 0.0; Y(24): 0.0	
	TNVCKPHKGEIGIVFEHPTLPGNESGGWMAK	2	1	1	AT1G37130.1	C4(Carbamidomethyl); N23(Deamidated)	3391.67080	0	1.41751E-07				
	YGTSIKKEYAMDPSR	7	1	1	AT1G37130.1	M11(Oxidation)	1761.84519	0	4.30729E-06				
	SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	5	1	1	AT1G37130.1	Q14(Deamidated)	2441.25473	0	6.39506E-06				
	LTGKHPFNSEAPLNR	3	1	1	AT1G37130.1	N14(Deamidated)	1681.86490	0	0.000135891				
	AKVPVQLVEK	24	1	1	AT1G37130.1		1110.68730	0.000087	0.000423511				
	MQYNIKEDFLIF	28	1	1	AT1G37130.1		1560.77544	0.000087	0.00187242				
	ESDNFYHFKDNR	16	1	1	AT1G37130.1		1571.68540	0.000087	0.00291932				
	AASVDNRQYARLEPGLNGVVR	8	1	1	AT1G37130.1	N-Term(Acetyl)	2327.22049	0.000087	6.80139E-05				
	FLMDHPGGSDSILINAGTDCTEEFEAIHSDK	1	1	1	AT1G37130.1	M3(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	3422.50966	0.000153	0.000408715				
	EMIRKSNAELEPSVLDPR	20	1	1	AT1G37130.1		2084.07492	0.000164	0.006561971				
	HLEKSADAPPSLKK	16	1	1	AT1G37130.1		1520.84259	0.000164	0.006320427				
	MQYNIKEDFLIF	6	1	1	AT1G37130.1	M1(Oxidation)	1576.77092	0.00026	0.000750719				
	EMIRKSNAELEPSVLDPR	5	1	1	AT1G37130.1	M2(Oxidation)	2100.07248	0.000507	0.008378245				

	SVSTPFMNTTAK	1	1	1	AT1G37130.1	M7(Oxidation)	1299.62468	0.000787	0.01094327				
	NPSMVRLTGKHPFNSEAPLNR	1	1	1	AT1G37130.1	M4(Oxidation)	2381.20962	0.000846	0.01307512				
	AASVDNRQYAR	6	1	1	AT1G37130.1	N-Term(Acetyl)	1292.63103	0.001002	0.02030696				
	SYKPPVPGR	8	1	1	AT1G37130.1		1000.55596	0.001128	0.0736857				
	MYSMSEVK	1	1	1	AT1G37130.1	M1(Oxidation); M4(Oxidation)	1006.42015	0.00124	0.02719737				
	GVPLCDVLR	16	1	1	AT1G37130.1	C5(Carbamidomethyl)	1028.55510	0.00134	0.02755712				
	LEPGLNGVVR	5	1	1	AT1G37130.1	N6(Deamidated)	1054.58782	0.001632	0.03962599				
	HPFNSEAPLNR	24	1	1	AT1G37130.1		1281.63274	0.001934	0.03349006				
	SYKPPVPGRSDSPK	5	1	1	AT1G37130.1	S12(Phospho)	1594.76108	0.005244	0.1820536	29	0.8	S(1): 0.1; Y(2): 0.1; S(10): 17.8; S(12): 81.9	
	KSVSTPFMNTTAK	3	1	1	AT1G37130.1	S4(Phospho)	1491.68889	0.008768	0.1914486	49	0.9	S(2): 0.5; S(4): 86.1; T(5): 13.3; T(10): 0.0; T(11): 0.0	
	SADAPPSLKK	4	1	1	AT1G37130.1		1013.56011	0.011995	0.263159				
	SVSTPFMNTTAK	7	1	1	AT1G37130.1	S3(Phospho)	1363.59453	0.012817	0.2694787	35	0.9	S(1): 4.3; S(3): 91.2; T(4): 4.3; T(9): 0.0; T(10): 0.0	
	GVPLCDVLRR	4	1	1	AT1G37130.1	C5(Carbamidomethyl)	1184.65630	0.04152	0.7218356				
	SVSTPFMNTTAK	4	1	1	AT1G37130.1		1283.62602	0.060156	0.77483				
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	41.30	1	11		11	100						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SIAAQIPTTMVK	6	1	1	AT1G64500.1	M10(Oxidation)	1275.69756	0	1.72291E-05				
	LRPESDDRTESTQSSYSGPR	16	1	1	AT1G64500.1		2268.04959	0	1.66406E-08				
	KSASFHTLDELEVR	18	1	1	AT1G64500.1	S4(Phospho)	1711.80429	0	0.00017799	38	0.7	S(2): 14.9; S(4): 70.2; T(7): 14.9	
	AIMEQQGVVVDER	4	1	1	AT1G64500.1	M3(Oxidation)	1489.72978	0	3.69884E-06				
	TESMSKLRPESDDRTESTQSSYSGPR	3	1	1	AT1G64500.1	M4(Oxidation)	2947.33437	0	0.000369596				
	SVKENIFVKR	12	1	1	AT1G64500.1		1219.71531	0.000087	0.001026844				
	ANVVADVYKPPPSSFAVFDVNAIQEPWLK	3	1	1	AT1G64500.1	Q24(Deamidated)	3202.64682	0.0001	0.000455035				
	DVSLDAGVLSELKELLQDEASVAPPRVFVK	8	1	1	AT1G64500.1		3224.74428	0.00012	0.000363582				
	ANVVADVYKPPPSSFAVFDVNAIQEPWLK	12	1	1	AT1G64500.1		3201.66025	0.000141	0.002962305				
	SVKENIFVK	16	1	1	AT1G64500.1		1063.61308	0.000851	0.0106143				
	TESMSKLRPESDDR	1	1	1	AT1G64500.1	M4(Oxidation)	1666.76438	0.000963	0.01959018				
	GRYLGGAAEVTAMNENGK	1	1	1	AT1G64500.1	M13(Oxidation)	1853.87748	0.006727	0.1412205				
AT1G04080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	20.57	3	11		12	170						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SAEESAAAAVAVAGDASESAASESGEKADEGR	44	3	1	AT1G04080.1		2980.31870	0	2.59346E-06				
	DGDFNKVVKLYER	20	2	1	AT1G04080.1		1582.82169	0	8.20107E-06				
	KQPEIHLFAAR	24	3	1	AT1G04080.1		1309.73645	0	1.92055E-05				
	SADDFLASDRTK	32	3	1	AT1G04080.1		1325.63248	0	0.001256201				
	ATQVFVKKQPEIHLFAAR	8	3	1	AT1G04080.1		2083.17739	0	0.001104223				
	SQVDGSTEQSPKLESASSTEPEELKK	12	3	1	AT1G04080.1	S10(Phospho)	2871.30539	0	3.68495E-07	41	0.8	S(1): 0.2; S(6): 2.5; T(7): 7.4; S(10): 79.4; S(15): 7.4; S(17): 2.5; S(18): 0.4; T(19): 0.2	
	SAEESAAAAVAVAGDASESAASESGEK	12	3	1	AT1G04080.1		2452.09696	0	0.000335645				
	AAYQLVHSGPGLLEAVIKHANMEYR	1	3	1	AT1G04080.1	M24(Oxidation)	3055.57607	0	7.13171E-06				
	LESASSTEPEELKYVGIR	8	3	1	AT1G04080.1		2136.11635	0.000187	0.002278025				
	SADDFLASDRTKMAAK	3	3	1	AT1G04080.1	M13(Oxidation)	1671.80161	0.000507	0.007351751				
	EIDYLEPLVEK	4	3	1	AT1G04080.1		1347.70268	0.000701	0.01743881				
	IAQDNIAKIRK	2	2	1	AT1G04080.1	Q3(Deamidated)	1270.74826						
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phx	23.55	1	19		20	353						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KNVETNTPEHVSQTETSAK	28	1	1	AT2G35050.1		2100.01261	0	0.0002879				
	SEDHVENNLSAKEPK	32	1	1	AT2G35050.1		1696.80906	0	0.000144554				
	SAPLHVQPQPHYIPYSVNPETPLESLVPHYPQKPEQGFLR	16	1	1	AT2G35050.1		4590.35627	0	0.000181356				
	EEQIFHVQDPETSSKEAK	40	1	1	AT2G35050.1		2102.00205	0	3.40542E-05				
	SLQVIKNDDLEELK	36	1	1	AT2G35050.1		1643.88811	0	9.27574E-06				
	SLRKSEDHVENNLSAK	8	1	1	AT2G35050.1	S5(Phospho)	1906.90066	0	0.000123999	43	0.9	S(1): 14.6; S(5): 85.4; S(14): 0.1	
	SAPLHVQPQPHYIPYSVNPETPLESLVPHYPQKPEQGFLR	22	1	1	AT2G35050.1	N18(Deamidated)	4591.35603	0	1.31032E-05				
	SAPLHVQPQPHYIPYSVNPETPLESLVPHYPQKPEQGFLR	20	1	1	AT2G35050.1	Q9(Deamidated); Q36(Deamidated)	4592.35670	0	0.000153219				
	IKRNTLVTGGVR	8	1	1	AT2G35050.1		1313.80048	0	6.60052E-05				
	NVETNTPEHVSQTETSAK	36	1	1	AT2G35050.1		1971.92136	0.000087	0.00204782				
	TVRDPTETNRLSK	24	1	1	AT2G35050.1		1516.80466	0.000087	0.001084367				
	EFLADILKTK	16	1	1	AT2G35050.1		1177.68169	0.000141	0.001341451				
	DDSFQKVNDHPISTVESNLSAKEPK	4	1	1	AT2G35050.1		2785.36513	0.000149	0.000258314				
	EFLADILK	24	1	1	AT2G35050.1		948.53813	0.000186	0.000309328				
	TMSSSAVHTKPHAVNHQIHK	8	1	1	AT2G35050.1		2210.11612	0.000192	0.001288893				
	EEAPIVTQTSSSTPDPSSSTLSEK	4	1	1	AT2G35050.1		2478.16880	0.000355	0.02300353				
	SLRKSEDHVENNLSAK	8	1	1	AT2G35050.1		1826.93166	0.000365	0.007985151				
	ELGSGTFGTVYHGKWR	4	1	1	AT2G35050.1		1794.89096	0.001612	0.04074841				
	TMSSSAVHTKPHAVNHQIHK	1	1	1	AT2G35050.1	M2(Oxidation)	2226.11025	0.002244	0.05337299				
	VGDFGLSKIKR	4	1	1	AT2G35050.1		1219.71585	0.002767	0.05337151				
	EEAPISMKISNSTPDPK	1	1	1	AT2G35050.1	M7(Oxidation)	1859.90567	0.003799	0.08125626				
	LRTMSSSAVHTKPHAVNHQIHK	1	1	1	AT2G35050.1	M4(Oxidation)	2495.29890	0.005376	0.08664008				
	AVPQGHNEKGDIVVDINDRFPR	4	1	1	AT2G35050.1		2476.27212	0.011477	0.2500369				
	NTLVTGGVRGTLPWMAPELLSGSSSK	3	1	1	AT2G35050.1	S24(Phospho)	2738.35512	0.274958	0.9579888	10	0.1	T(2): 13.8; T(5): 6.9; T(11): 30.9; S(21): 13.8; S(23): 13.8; S(24): 13.8; S(25): 6.9	
	SLQVIKNDDLEELK	1	1	1	AT2G35050.1	Q3(Deamidated); N7(Deamidated)	1645.86162						
AT4G22670.1	HSP70-interacting protein 1	63.49	1	42		43	1638						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AMEALSEGNFDEAIEHLTR	48	1	1	AT4G22670.1		2132.98638	0	7.55921E-13				
	GKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	80	1	1	AT4G22670.1		2318.10430	0	3.24598E-10				
	MGDSSVEVTDENR	16	1	1	AT4G22670.1		1438.60832	0	3.49903E-09				
	MGDSSVEVTDENR	6	1	1	AT4G22670.1	M1(Oxidation)	1454.60332	0	1.96807E-08				
	AITLNPTSAIMYGNR	40	1	1	AT4G22670.1		1621.83733	0	1.65723E-05				
	AITLNPTSAIMYGNR	12	1	1	AT4G22670.1	M11(Oxidation)	1637.83196	0	3.7035E-07				
	AMLGEWAEAAKDLHLASTIDYDEEISAVLKK	28	1	1	AT4G22670.1		3417.72426	0	6.02236E-13				
	DANAALEINPDSAKGYK	52	1	1	AT4G22670.1		1776.87248	0	9.35642E-08				
	EAAQEAKGKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	52	1	1	AT4G22670.1		3045.46305	0	7.20262E-09				
	IPTGVHEEDKDTKPR	80	1	1	AT4G22670.1		1721.87956	0	1.48974E-06				
	MGDSSVEVTDENREAAQEAK	24	1	1	AT4G22670.1		2165.95488	0	5.72007E-07				
	DANAALEINPDSAK	32	1	1	AT4G22670.1		1428.69512	0	3.11991E-08				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	50	1	1	AT4G22670.1	M8(Oxidation)	3502.71018	0	3.84221E-06				
	AMLGEWAEAAKDLHLASTIDYDEEISAVLKK	12	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation)	3433.72524	0	1.52634E-09				
	AMEALSEGNFDEAIEHLTR	16	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation)	2148.98540	0	2.12154E-08				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAKHQANPK	20	1	1	AT4G22670.1		4162.06997	0	2.23422E-09				
	GKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	30	1	1	AT4G22670.1	M4(Oxidation)	2334.10039	0	1.28386E-09				
	DANAALEINPDSAKGYKSR	96	1	1	AT4G22670.1		2020.00505	0	3.63875E-10				
	DYLESLGAKIPTGVHEEDKDTKPR	48	1	1	AT4G22670.1		2698.36777	0	2.96344E-07				
	DLHLASTIDYDEEISAVLKK	156	1	1	AT4G22670.1		2260.17661	0	1.80974E-07				
	AMLGEWAEAAK	2	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation)	1192.56670	0	0.000160713				
	MGDSSVEVTDENREAAQEAK	11	1	1	AT4G22670.1	M1(Oxidation)	2181.94878	0	8.03096E-08				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	24	1	1	AT4G22670.1		3486.74302	0	1.16243E-07				
	AMLGEWAEAAK	8	1	1	AT4G22670.1		1176.57085	0	1.59646E-05				

	ASVYIKLKKPNAAIR	52	1	1	AT4G22670.1		1672.02207	0	4.3391E-05				
	SDPSLLTTPSLSFFR	24	1	1	AT4G22670.1		1667.86711	0	1.35026E-05				
	EAAQEAKGKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	18	1	1	AT4G22670.1	M11(Oxidation)	3061.44999	0	5.594E-09				
	ASVYIKLK	24	1	1	AT4G22670.1		921.57640	0	3.71491E-05				
	KVEPNAHKLEEHR	20	1	1	AT4G22670.1		1586.83683	0	7.03335E-06				
	HQANPKVAPVIAK	32	1	1	AT4G22670.1		1372.80429	0	4.53071E-06				
	VFIDQCKSDPSLLTTPSLSFFRDYLESLGAK	56	1	1	AT4G22670.1	C6(Carbamidomethyl)	3534.76352	0	1.6903E-07				
	RAEAQAAYDKAK	20	1	1	AT4G22670.1		1321.68253	0	7.36268E-05				
	SFVVEESDDDMDETEEVKPK	24	1	1	AT4G22670.1		2328.00418	0	4.34689E-08				
	VFIDQCKSDPSLLTTPSLSFFR	20	1	1	AT4G22670.1	C6(Carbamidomethyl)	2558.29868	0	2.18337E-05				
	DYLESLGAKIPTGVHEEDK	20	1	1	AT4G22670.1		2101.04367	0	2.47133E-08				
	MDSTKLSELKVFIDQCK	4	1	1	AT4G22670.1	N-Term(Acetyl); C16(Carbamidomethyl)	2084.03885	0	7.96992E-05				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAKHQANPK	17	1	1	AT4G22670.1	N26(Deamidated)	4163.06257	0	7.43864E-05				
	EAAQEAKGKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	1	1	1	AT4G22670.1	Q4(Deamidated); N18(Deamidated)	3047.44315	0	5.76197E-05				
	VFIDQCKSDPSLLTTPSLSFFRDYLESLGAK	4	1	1	AT4G22670.1	Q5(Deamidated); C6(Carbamidomethyl)	3535.78781	0	4.8804E-05				
	MGDSSVEVTDENREAAQEAKGK	8	1	1	AT4G22670.1		2351.07895	0	9.87413E-08				
	SFVVEESDDDMDETEEVKPK	5	1	1	AT4G22670.1	M11(Oxidation)	2344.00138	0	1.50714E-05				
	DLHLASTIDYDEEISAVLKKVEPNAHK	32	1	1	AT4G22670.1		3035.56118	0	2.73581E-07				
	SFVVEESDDDMDETEEVKPK	10	1	1	AT4G22670.1	S7(Phospho)	2407.96953	0	7.73484E-08	109	1.0	S(1): 0.0; S(7): 100.0; T(14): 0.0	
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	4	1	1	AT4G22670.1	Q21(Deamidated)	3487.73069	0	1.81444E-05				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	44	1	1	AT4G22670.1	M17(Oxidation); M24(Oxidation)	3518.71323	0	3.6747E-05				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	17	1	1	AT4G22670.1	M8(Oxidation); M17(Oxidation); M24(Oxidation)	3534.71335	0	1.53904E-08				
	MGDSSVEVTDENREAAQEAKGK	5	1	1	AT4G22670.1	M1(Oxidation)	2367.06777	0	7.21962E-08				
	DLHLASTIDYDEEISAVLK	44	1	1	AT4G22670.1		2132.07437	0	0.003235863				
	AMEALSEGNFDEAIEHLTRAITLNPTSAIMYGNR	4	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation); M30(Oxidation)	3767.80263	0	3.05368E-07				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAKHQANPK	6	1	1	AT4G22670.1	M8(Oxidation); M17(Oxidation); M24(Oxidation)	4210.05678	0	3.86475E-05				
	AEAQAAYDKAK	12	1	1	AT4G22670.1		1165.58135	0	0.000849437				
	LSELKVFIDQCK	16	1	1	AT4G22670.1	C11(Carbamidomethyl)	1479.78769	0	0.001683044				
	DLHLASTIDYDEEISAVLKKVEPNAHK	2	1	1	AT4G22670.1	N24(Deamidated)	3036.55874	0	0.000190117				
	LSELKVFIDQCKSDPSLLTTPSLSFFR	4	1	1	AT4G22670.1	C11(Carbamidomethyl)	3128.62754	0	0.000924409				
	KVEPNAHKLEEHR	1	1	1	AT4G22670.1	N5(Deamidated)	1587.82065	0	0.001661161				
	GKAMEALSEGNFDEAIEHLTRAITLNPTSAIMYGNR	2	1	1	AT4G22670.1	M4(Oxidation); M32(Oxidation)	3952.92519	0	7.90496E-07				
	DYLESLGAK	24	1	1	AT4G22670.1		995.50408	0.000087	0.000469599				
	MMGKFAGPQ	6	1	1	AT4G22670.1	M1(Oxidation); M2(Oxidation)	998.44151	0.000146	0.002441049				
	VEPNAHKLEEHR	16	1	1	AT4G22670.1		1458.74155	0.000186	0.000212504				
	VEPNAHKLEEHRR	8	1	1	AT4G22670.1		1614.84134	0.000186	0.004104284				
	LSELKVFIDQCKSDPSLLTTPSLSFFR	2	1	1	AT4G22670.1	Q10(Deamidated); C11(Carbamidomethyl)	3129.62839	0.000194	0.001518149				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAK	6	1	1	AT4G22670.1	Q21(Deamidated); N29(Deamidated)	3488.72239	0.000209	0.001617809				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAKHQANPK	3	1	1	AT4G22670.1	M24(Oxidation)	4178.06440	0.000243	0.007914639				
	SDPSLLTTPSLSFFRDYLESLGAK	52	1	1	AT4G22670.1		2644.34928	0.00026	0.001731306				
	AMEALSEGNFDEAIEHLTRAITLNPTSAIMYGNR	4	1	1	AT4G22670.1		3735.78676	0.000266	0.003081564				
	AMEALSEGNFDEAIEHLTRAITLNPTSAIMYGNR	3	1	1	AT4G22670.1	N9(Deamidated); N33(Deamidated)	3737.78872	0.000362	0.01638053				
	EAAQEAKGKAMEALSEGNFDEAIEHLTR	1	1	1	AT4G22670.1	N18(Deamidated)	3046.45582	0.000503	0.02763418				
	MMGKFAGPQ	4	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation)	982.44621	0.000859	0.01131844				
	MDSTKLSELK	4	1	1	AT4G22670.1	N-Term(Acetyl)	1193.60747	0.000861	0.01185978				
	IPTGVHEEDK	4	1	1	AT4G22670.1		1124.55657	0.002873	0.05856109				
	AMEALSEGNFDEAIEHLTRAITLNPTSAIMYGNR	1	1	1	AT4G22670.1	M2(Oxidation)	3751.78847	0.00471	0.1051705				
	SRGMARAMLGEWAEAAK	4	1	1	AT4G22670.1		1834.91343	0.4663	1				
	ILNDPELMTAFSDPEVMAALQDVMKNPANLAKHQANPK	1	1	1	AT4G22670.1	M17(Oxidation); M24(Oxidation)	4194.06354						
AT1G01100.1	60S acidic ribosomal protein family	99.11	2	4		8	166						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	20	1	1	AT1G01100.1		3458.74948	0	1.74291E-09				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAE	28	1	1	AT1G01100.1		3917.95017	0	3.32396E-07				
	AAGVSIESYWPMLFAK	16	2	1	AT1G01100.1		1769.89409	0	3.897E-05				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	10	1	1	AT1G01100.1	M7(Oxidation)	3318.63279	0	2.08286E-09				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	32	1	1	AT1G01100.1		3302.64438	0	8.13994E-07				
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	2	1	1	AT1G01100.1	N9(Deamidated)	3459.74192	0	1.42799E-07				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAE	6	1	1	AT1G01100.1	N6(Deamidated)	3918.95835	0	1.09995E-06				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	29	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	S9(Phospho)	2148.89873	0	0.000337345	200	1.0	S(9): 100.0	
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	7	1	1	AT1G01100.1	M8(Oxidation)	3474.71958	0	4.06956E-06				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAE	3	1	1	AT1G01100.1	M1(Oxidation); M12(Oxidation)	3949.92844	0	3.14528E-07				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADKIATLVK	2	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	3423.75510	0.000087	0.003858063				
	AAGVSIESYWPMLFAK	4	2	1	AT1G01100.1	M12(Oxidation)	1785.88176	0.000099	0.004500992				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	1	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	2798.33036	0.000274	0.005553496				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	2	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1		2068.93265	0.000787	0.01187194				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAE	3	1	1	AT1G01100.1	M1(Oxidation)	3933.95009	0.002018	0.04371769				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEKK	1	1	1	AT1G01100.1	T3(Phospho)	3510.71921	0.458596	0.9562167	4	1.0	T(3): 100.0	
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	99.12	1	4		8	106						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	20	1	1	AT5G47700.1		3529.77793	0	3.55498E-10				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	8	1	1	AT5G47700.1		3373.67209	0	9.40445E-05				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	7	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)	3389.67368	0	3.63738E-06				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	29	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	S9(Phospho)	2148.89873	0	0.000337345	200	1.0	S(9): 100.0	
	RNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAAEEK	6	1	1	AT5G47700.1	M8(Oxidation)	3545.75754	0	1.09556E-09				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADKIATLVK	2	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	3423.75510	0.000087	0.003858063				
	AAGVTIESYWPMLFAK	12	1	1	AT5G47700.1		1783.89787	0.000192	0.003004262				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAPAAEEK	4	1	1	AT5G47700.1	N8(Deamidated)	3374.67588	0.000209	0.002761627				
	STVGELACSYAVMILEDEGIAITADK	1	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1	N-Term(Acetyl); C8(Carbamidomethyl)	2798.33036	0.000274	0.005553496				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAA	4	1	1	AT5G47700.1		3989.01533	0.000445	0.009872976				
	KKDEPAEESDGDLGFGLFD	2	3	2	AT1G01100.1;AT5G47700.1		2068.93265	0.000787	0.01187194				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAA	7	1	1	AT5G47700.1	M12(Oxidation)	4004.98525	0.000965	0.02402394				
	MAEKRNVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAA	1	1	1	AT5G47700.1	M1(Oxidation); M12(Oxidation)	4020.98501	0.008238	0.1459931				
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAAEEKK	2	1	1	AT5G47700.1	M7(Oxidation)	3517.77390						
	NVTDLIMNVGAGGGGGAPVAAAAPAAGGGAAAAAPAAEEKK	1	1	1	AT5G47700.1	T3(Phospho)	3581.74436			2	1.0	T(3): 100.0	
AT3G19420.1	PTEN 2	41.57	1	18		19	462						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LSPKSPQTNDTTTEGTSSATESSFIGTITK	16	1	1	AT3G19420.1		3086.49021	0	2.57446E-09				
	VSISGNKGSSQPVQGVTVSK	36	1	1	AT3G19420.1		1959.04802	0	2.10865E-09				
	SAFAKFTSGLGIR	44	1	1	AT3G19420.1		1354.74700	0	2.65238E-06				
	SADETAVLTKATEK	40	1	1	AT3G19420.1		1463.75749	0	4.91839E-08				
	GEATEKPSGAGVNASSSSESEFK	32	1	1	AT3G19420.1		2256.02304	0	9.81316E-06				
	KSADETAVLTKATEK	36	1	1	AT3G19420.1		1591.85369	0	1.46304E-08				
	ATEKVSISGNKGSSQPVQGVTVSK	36	1	1	AT3G19420.1		2388.27207	0	2.99792E-08				
	NLKVPQPFASTQNDSGVENTEK	24	1	1	AT3G19420.1		2403.17575	0	7.39202E-14				
	GLVDTSKNAVKAVQVK	24	1	1	AT3G19420.1		1656.96311	0	2.06054E-05				

	VPQPFASTQNDSGVENTEK	4	1	1	AT3G19420.1			2047.95024	0	1.96134E-08					
	VSISGNKGSSQPVQGVTVSKGEATEKPSGAGVNASSSSESEFK	48	1	1	AT3G19420.1			4196.05581	0	8.73318E-12					
	TKDLSPEDFWFSAPK	4	1	1	AT3G19420.1			1767.86094	0	3.92227E-07					
	ETENPDKDDVFSDNEGDSTGPTKTTSSASSQTPEAK	61	1	1	AT3G19420.1	S12(Phospho)		3852.59983	0	0.001018508	33	0.8	T(2): 2.1; S(12): 81.0; S(18): 4.6; T(19): 4.6; T(22): 4.6; T(24): 1.0; T(25): 1.0; S(26): 0.5; S(27): 0.3; S(29): 0.1; S(30): 0.1; T(32): 0.1		
	LSPKSPQTNDTTTEGTSSATESSFIGTITK	6	1	1	AT3G19420.1	Q7(Deamidated)		3087.49436	0	6.5058E-07					
	TTSSASSQTPEAKKSADETAVLTK	8	1	1	AT3G19420.1			2438.22727	0	1.5339E-07					
	FTSGLGIR	24	1	1	AT3G19420.1			850.47862	0.000087	0.002662922					
	TPEETSAANSSPVDGSASVPGPDK	4	1	1	AT3G19420.1			2300.04343	0.000141	0.002152454					
	LYDVSLFEGK	8	1	1	AT3G19420.1			1170.60369	0.000851	0.01323922					
	KSADETAVLTK	4	1	1	AT3G19420.1			1162.62822	0.019279	0.3039062					
	LSPKSPQTNDTTTEGTSSATESSFIGTITK	1	1	1	AT3G19420.1	T8(Phospho); T11(Phospho); T12(Phospho); T13(Phospho); T16(Phospho); S17(Phospho		3806.18442	0.497664	0.9666474			Too many isoforms		
	LPSPGFMVEVVLADINATIPTNPSSETASK	1	1	1	AT3G19420.1	T18(Phospho)		3165.52805	0.610256	0.9885131	1	0.1	S(3): 20.8; T(18): 14.2; T(21): 13.1; S(24): 13.1; S(25): 13.1; T(27): 13.1; S(29): 12.7		
	GLVDTSKNAVKAVQVK	1	1	1	AT3G19420.1	N8(Deamidated); Q14(Deamidated)		1658.93790							
AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein family	100.00	3	12		18		659							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESK	80	3	1	AT2G27720.1			2598.26958	0	1.05676E-11					
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESKKEEK	64	3	1	AT2G27720.1			3112.54465	0	1.97394E-07					
	EKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESKK	48	3	1	AT2G27720.1			2983.50454	0	1.29909E-07					
	ASPTTGDIKDILGSVGAETEDSQIELLKEVK	44	1	1	AT2G27720.1			3356.76340	0	4.19887E-10					
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESKK	64	3	1	AT2G27720.1			2726.36551	0	4.51341E-05					
	GKDLAELIAAGREK	52	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1470.82329	0	2.06554E-06					
	EKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESK	32	3	1	AT2G27720.1			2855.41019	0	1.32741E-08					
	DLAELIAAGR	24	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1028.57305	0	3.62264E-06					
	EVKGKDLAELIAAGR	40	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1569.89482	0	8.34841E-08					
	ASPTTGDIKDILGSVGAETEDSQIELLK	44	1	1	AT2G27720.1			3000.55753	0	2.99211E-05					
	MKVVAAFLAVLSGKASPTTGDIK	20	3	1	AT2G27720.1			2417.38950	0	1.57651E-06					
	GKDLAELIAAGR	56	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1213.68926	0	1.37062E-05					
	MKVVAAFLAVLSGKASPTTGDIK	13	3	1	AT2G27720.1	M1(Oxidation)		2433.38010	0	6.00675E-08					
	MKVVAAFLAVLSGK	2	3	1	AT2G27720.1	M1(Oxidation)		1562.93259	0	5.47093E-05					
	MKVVAAFLAVLSGK	8	3	1	AT2G27720.1			1546.93723	0	0.000172726					
	DILGSVGAETEDSQIELLKEVK	16	1	1	AT2G27720.1			2486.32340	0	0.000377542					
	ASPTTGDIKDILGSVGAETEDSQIELLKEVK	2	1	1	AT2G27720.1	Q23(Deamidated)		3357.77451	0	1.07568E-11					
	KEEKEESDDDMGFSLFE	4	6	3	AT2G27720.1;AT2G27710.1;AT3G44590.2	S7(Phospho)		2114.81279	0	1.90187E-06	136	1.0	S(7): 100.0; S(14): 0.0		
	DILGSVGAETEDSQIELLK	12	1	1	AT2G27720.1			2130.11260	0	2.60519E-06					
	ASPTTGDIKDILGSVGAETEDSQIELLK	1	1	1	AT2G27720.1	Q23(Deamidated)		3001.54831	0	0.000226499					
	DLAELIAAGREK	28	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1285.71050	0.000087	0.00022285					
	DLAELIAAGREKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESK	4	3	1	AT2G27720.1			3864.96865	0.000146	0.000930935					
	DILGSVGAETEDSQIELLKEVK	1	1	1	AT2G27720.1	Q14(Deamidated)		2487.32242	0.013496	0.269652					
AT2G27710.1	60S acidic ribosomal protein family	100.00	2	12		18		889							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESK	80	1	1	AT2G27710.1			2588.25054	0	2.97243E-15					
	EKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESKK	80	1	1	AT2G27710.1			2973.48044	0	3.00778E-15					
	ASPTSADIKTILGSVGAETEDSQIELLLKEVK	48	2	1	AT2G27710.1			3342.78623	0	6.45711E-07					
	TILGSVGAETEDSQIELLLK	36	2	1	AT2G27710.1			2116.14385	0	3.07735E-11					
	GKDLAELIAAGREK	52	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1470.82329	0	2.06554E-06					
	EKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESK	48	1	1	AT2G27710.1			2845.38828	0	4.48907E-06					
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESKK	116	1	1	AT2G27710.1			2716.34745	0	1.44007E-05					
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESKKEEK	104	1	1	AT2G27710.1			3102.52512	0	4.18453E-06					
	DLAELIAAGR	24	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1028.57305	0	3.62264E-06					
	EVKGKDLAELIAAGR	40	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1569.89482	0	8.34841E-08					
	MKVVAAYLLAVLSGKASPTSADIK	52	2	1	AT2G27710.1			2433.36893	0	1.10725E-08					
	GKDLAELIAAGR	56	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1213.68926	0	1.37062E-05					
	ASPTSADIKTILGSVGAETEDSQIELLLK	44	2	1	AT2G27710.1			2986.58017	0	4.50508E-10					
	MKVVAAYLLAVLSGK	8	2	1	AT2G27710.1			1562.93259	0	7.08222E-05					
	TILGSVGAETEDSQIELLLKEVK	32	2	1	AT2G27710.1			2472.34366	0	1.67136E-06					
	TILGSVGAETEDSQIELLLKEVKGK	16	2	1	AT2G27710.1			2657.46108	0	1.02312E-05					
	MKVVAAYLLAVLSGKASPTSADIK	10	2	1	AT2G27710.1	M1(Oxidation)		2449.37638	0	7.93051E-13					
	MKVVAAYLLAVLSGK	6	2	1	AT2G27710.1	M1(Oxidation)		1578.92704	0	5.96473E-06					
	KEEKEESDDDMGFSLFE	4	6	3	AT2G27720.1;AT2G27710.1;AT3G44590.2	S7(Phospho)		2114.81279	0	1.90187E-06	136	1.0	S(7): 100.0; S(14): 0.0		
	DLAELIAAGREK	28	5	2	AT2G27720.1;AT2G27710.1			1285.71050	0.000087	0.00022285					
	ASPTSADIKTILGSVGAETEDSQIELLLKEVK	1	2	1	AT2G27710.1	Q23(Deamidated)		3343.76015	0.000251	0.001749069					
	TILGSVGAETEDSQIELLLKEVKGK	1	2	1	AT2G27710.1	Q14(Deamidated)		2658.44950	0.022884	0.3460279					
	LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESKK	2	1	1	AT2G27710.1	S6(Phospho)		2796.31198	0.025881	0.4250452	9	0.1	S(3): 73.7; S(6): 14.0; S(16): 2.9; T(18): 2.9; S(19): 2.9; S(28): 1.8; S(32): 1.8		
	EKLASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGASAAESK	1	1	1	AT2G27710.1	S21(Phospho)		2925.37734	0.477657	1	5	0.2	S(5): 17.0; S(8): 17.0; S(18): 17.0; T(20): 17.0; S(21): 17.0; S(30): 7.6; S(34): 7.6		
AT3G44590.2	60S acidic ribosomal protein family	55.86	1	2		5		51							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	LASVPSGGGVAVSAAPSSGGGGAAAPAEKK	36	1	1	AT3G44590.2			2508.30356	0	1.4527E-08					
	EKLASVPSGGGVAVSAAPSSGGGGAAAPAEKK	8	1	1	AT3G44590.2			2765.43960	0	2.00764E-05					
	KEEKEESDDDMGFSLFE	4	6	3	AT2G27720.1;AT2G27710.1;AT3G44590.2	S7(Phospho)		2114.81279	0	1.90187E-06	136	1.0	S(7): 100.0; S(14): 0.0		
	LASVPSGGGVAVSAAPSSGGGGAAAPAEKKEAK	2	1	1	AT3G44590.2	S3(Phospho); S13(Phospho); S18(Phospho)		3076.37143	0.05688	0.6646057	1	0.1	S(3): 57.0; S(6): 57.0; S(13): 60.9; S(17): 62.5; S(18): 62.5		
	DIAELIASGREKLASVPSGGGVAVSAAPSSGGGGAAAPAEK	1	1	1	AT3G44590.2	S8(Phospho); S30(Phospho)		3822.80898	0.562279	1	0	0.1	S(8): 40.6; S(15): 40.6; S(18): 32.9; S(25): 28.6; S(29): 28.6; S(30): 28.6		
AT3G43300.2	HOPM interactor 7	17.20	2	19		21		401							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**		**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	AIQAYQDGSKVVTQAAPSSIVESSQAEGGGEK	32	2	1	AT3G43300.2			3192.55808	0	8.3564E-11					
	TGVEADEPQKVTSAEVAQQASQSK	24	2	1	AT3G43300.2			2488.21653	0	6.33473E-06					
	DTTLASVEELHTLVGGADIKGLEAALDK	20	2	1	AT3G43300.2			2866.50693	0	2.84356E-07					
	EMTLGDALTQAK	12	2	1	AT3G43300.2			1277.63970	0	0.000112513					
	FMDNLFLR	8	2	1	AT3G43300.2			1055.53435	0	4.79653E-05					
	NPASVAQFLR	24	2	1	AT3G43300.2			1102.59978	0	8.39098E-06					
	GGLVSILNLGLPKR	24	2	1	AT3G43300.2			1436.89377	0	5.89733E-06					
	NSVKGVEVLIANKLVER	20	2	1	AT3G43300.2			1932.09720	0	1.73386E-05					
	GGLVSILNLGLPK	24	2	1	AT3G43300.2			1280.79289	0	0.000102619					
	IGTHGTSLESGIPPKADGSEGRPSSSGR	56	2	1	AT3G43300.2			2737.34658	0	5.65209E-07					
	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	36	2	1	AT3G43300.2			2614.21506	0	5.62786E-06					
	AKAHKSTMEAAISEFNR	16	2	1	AT3G43300.2			1890.94645	0	8.18001E-05					
	SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSR	35	2	1	AT3G43300.2	S11(Phospho)		2694.19663	0	2.40153E-06	40	0.3	S(1): 3.3; S(2): 3.3; T(7): 30.0; S(10): 30.0; S(11): 30.0; Y(13): 3.3; T(19): 0.1; S(23): 0.0		
	AKAHKSTMEAAISEFNR	5	2	1	AT3G43300.2	M8(Oxidation)		1906.94437	0	5.29935E-06					
	GGLVSILNLGLPKRISAADAK	32	2	1	AT3G43300.2			2093.24428	0.000087	0.000151297					
	VVTQAAPSSIVESSQAEGGGEKTGVEADEPQKVTSAEVAQQASQS	3	2	1	AT3G43300.2	Q4(Deamidated); Q15(Deamidated)		4602.24428	0.0001	0.003851615					
	EMTLGDALTQAK	5	2	1	AT3G43300.2	M2(Oxidation)		1293.63213	0.000146	0.003339453					
	MGMKEDSDEVTTKTR	1	2	1	AT3G43300.2	M1(Oxidation); M3(Oxidation)		1759.77665	0.000182	7.67697E-05					
	RGIELESMSIGQR	4	2	1	AT3G43300.2			1475.76276	0.000192	0.002585848					
	FMDNLFLR	2	2	1	AT3G43300.2	M2(Oxidation)		1071.52898	0.000254	0.001961418					
	FMDNLFLRNLTSQPK	2	2	1	AT3G43300.2	M2(Oxidation)		1839.93784	0.000274	0.001243162					
	SQTFGQRFMDNLFLR	8	2	1	AT3G43300.2			1859.92307	0.000468	0.01248586					

	GVEYLIANKLVER	4	2	1	AT3G43300.2		1503.85013	0.001072	0.02784801				
	YWSNLKTPQK	3	2	1	AT3G43300.2	S3(Phospho)	1344.63984			6	0.4	Y(1): 44.4; S(3): 44.4; T(7): 11.2	
	ILFPIFDHVSHAGKESLISSGDVK	1	2	1	AT3G43300.2	S10(Phospho)	2676.33291			16	0.8	S(10): 82.5; S(16): 5.8; S(19): 5.8; S(20): 5.8	
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	38.93	1	8		11	289						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNELR	20	1	1	AT1G21380.1		3465.71006	0	1.23625E-11				
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	36	1	1	AT1G21380.1		3006.61173	0	6.92491E-06				
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQSR	76	1	1	AT1G21380.1		3664.68784	0	9.81306E-08				
	IVKKKPDLTVR	20	1	1	AT1G21380.1		1296.83475	0	2.64457E-05				
	EKILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNELR	8	1	1	AT1G21380.1		3722.82338	0	1.637E-10				
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQSR	20	1	1	AT1G21380.1	Q9(Deamidated)	3665.68520	0	9.34366E-06				
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQSR	20	1	1	AT1G21380.1	N11(Deamidated); Q14(Deamidated)	3666.68740	0	2.68199E-05				
	ILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNELR	18	1	1	AT1G21380.1	Q9(Deamidated); N27(Deamidated)	3467.66489	0	7.36965E-05				
	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	8	1	1	AT1G21380.1		3391.67685	0	1.40593E-06				
	SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	28	1	1	AT1G21380.1	S1(Phospho)	3471.62290	0	1.77592E-05	62	1.0	S(1): 97.7; T(8): 1.1; Y(12): 1.1; T(15): 0.0; T(25): 0.0	
	EKILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNELR	4	1	1	AT1G21380.1	Q23(Deamidated)	3723.82705	0	8.5564E-06				
	NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPEDILFK	2	1	1	AT1G21380.1	N5(Deamidated)	3007.61245	0.000209	0.002287091				
	EKILSLLDTWQEAFGGSGGRFPQYYNAYNELR	6	1	1	AT1G21380.1	Q11(Deamidated); N26(Deamidated)	3724.81240	0.000875	0.0244266				
	TRTSSSSSSKPNNQNNKPF	12	1	1	AT1G21380.1		2080.99454	0.001002	0.02105454				
	DLMDFAK	4	1	1	AT1G21380.1		839.39604	0.002209	0.03641943				
	KYPPSMSAR	1	1	1	AT1G21380.1	M6(Oxidation)	1052.51518	0.183616	0.995616				
	NSKVQILALYALETLSK	1	2	2	AT1G21380.1;AT1G76970.1	S16(Phospho)	1971.05446	0.330938	0.9562167	15	0.8	S(2): 3.4; Y(10): 3.4; T(14): 10.3; S(16): 82.9	
	NSKVQILALYALETLSKNCGESVYQLIVDR	4	1	1	AT1G21380.1	Q5(Deamidated); N18(Deamidated); C19(Carbamidomethyl); Q25(Deamidated)	3427.76504	0.400171	1				
	TNKRPEYFQHNVPQHSSSASESSYDDLLGQSR	1	1	1	AT1G21380.1	Q9(Deamidated); N11(Deamidated); Q14(Deamidated)	3667.67835	0.644842	1				
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	15.89	2	6		8	124						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SSQKQLVNHVFPK	21	2	1	AT2G07360.1		1511.83042	0	1.44792E-05				
	SGGSKYQSTYEGYGSPIREEPPPYSYSEPQSR	62	2	1	AT2G07360.1	S15(Phospho)	3760.63877	0	0.000244446	50	0.7	S(1): 0.0; S(4): 0.0; Y(6): 0.1; S(8): 0.7; T(9): 3.0; Y(10): 13.6; Y(13): 13.6; S(15): 68.9; Y(25): 0.1; S(26): 0.1; Y(27): 0.0; S(28): 0.0; S(32): 0.0	
	QKKKPVSYSQLAR	8	2	1	AT2G07360.1		1532.88864	0.000087	0.002747318				
	SGGSKYQSTYEGYGSPIR	12	2	1	AT2G07360.1		1936.89896	0.000146	0.002743241				
	IVNQLTNEATNSEFEFHAR	4	2	1	AT2G07360.1		2220.06626	0.000192	0.000614107				
	YVYYYLARILSDTGMTPGGGIPTPNWDALADIDAGGGVTR	12	2	1	AT2G07360.1	Y1(Phospho); Y3(Phospho); S11(Phospho); T39(Phospho)	4536.93128	0.032165	0.4216322	0	0.0	Y(1): 44.4; Y(3): 44.4; Y(4): 44.4; Y(5): 44.4; S(11): 44.4; T(13): 44.4; T(16): 44.4; T(23): 44.4; T(39): 44.4	
	SDTIASLLAALMEVVRTTVACECVYVRAMVIK	1	2	1	AT2G07360.1	C21(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); M29(Oxidation)	3585.82981	0.388039	1				
	TCLVGAGPDGKHTALEAVTIVLDLPPPQPGSMAGLTSIDR	3	2	1	AT2G07360.1	T1(Phospho); C2(Carbamidomethyl); S31(Phospho)	4215.05139	0.652668	1	0	0.1	T(1): 33.3; T(13): 33.3; T(19): 33.3; S(31): 33.3; T(36): 33.3; S(37): 33.3	
	QKKKPVSYSQLAR	1	2	1	AT2G07360.1	Y8(Phospho)	1612.85282			45	0.9	S(7): 5.7; Y(8): 88.6; S(9): 5.7	
AT4G02510.1	translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts	35.93	1	38		41	522						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VGSVDAEEDSIPAAESQFEVR	48	1	1	AT4G02510.1		2235.03789	0	7.31503E-08				
	MFDTAALAALLK	16	1	1	AT4G02510.1		1264.69670	0	1.26616E-07				
	VGVEVEELPVSESLKVGSVDAEEDSIPAAESQFEVR	28	1	1	AT4G02510.1		3829.87021	0	2.86E-07				
	ASSGIEAHSDEANISNNMSDR	6	1	1	AT4G02510.1	M18(Oxidation)	2220.93912	0	3.05664E-11				
	VGVEVEELPVSESLK	16	1	1	AT4G02510.1		1613.86150	0	6.45618E-06				
	KVVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	72	1	1	AT4G02510.1		2644.28995	0	5.48853E-08				
	ASSGIEAHSDEANISNNMSDR	8	1	1	AT4G02510.1		2204.94321	0	6.53099E-06				
	HGENGSTMAGFDIQNVGKQLAYVVR	4	1	1	AT4G02510.1		2691.33242	0	1.79972E-06				
	VKEDVEDIKDDGESK	16	1	1	AT4G02510.1		1705.80979	0	0.000388191				
	IENGSVDVDVKQASTDGESESK	16	1	1	AT4G02510.1		2294.05661	0	7.79461E-07				
	IENGSVDVDVKQASTDGESESKVK	20	1	1	AT4G02510.1		2521.22378	0	1.36103E-08				
	VVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	32	1	1	AT4G02510.1		2516.20017	0	3.38303E-07				
	SPPLPYLLSWLLQSR	8	1	1	AT4G02510.1		1769.99320	0	0.000606828				
	VKDVEEEDVGTKK	8	1	1	AT4G02510.1		1475.75489	0	0.000410937				
	VGVEVEELPVSESLKVGSVDAEEDSIPAAESQFEVRK	1	1	1	AT4G02510.1	Q32(Deamidated)	3958.97646	0	5.89714E-05				
	ELDSSSEAVSGNSDKVGADDLSDSEK	12	1	1	AT4G02510.1		2641.15537	0	7.44295E-08				
	EISEAAKVEPDEPK	4	1	1	AT4G02510.1		1541.76494	0	6.84695E-06				
	EAVIKEDDKDDEVDK	12	1	1	AT4G02510.1		1747.82041	0	0.000201459				
	KVVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	6	1	1	AT4G02510.1	S7(Phospho)	2724.25870	0	0.000193086	89	1.0	S(7): 100.0; S(22): 0.0; S(23): 0.0	
	ELDSSSEAVSGNSDKVGADDLSDSEK	1	1	1	AT4G02510.1	N12(Deamidated)	2642.14414	0	3.63654E-06				
	LESVDTSAVEPEVVAAESGSEPK	8	1	1	AT4G02510.1		2330.12334	0	0.000234806				
	MFDTAALAALLK	2	1	1	AT4G02510.1	M1(Oxidation)	1280.69011	0	7.61664E-08				
	SVTPEPTNPFYASSGQSGK	4	1	1	AT4G02510.1		1953.91643	0	0.001868568				
	FTSESDSIADSSKLESVDTSAVEPEVVAAESGSEPK	8	1	1	AT4G02510.1		3684.69614	0	0.001072589				
	KAYFEEYDYRVK	16	1	1	AT4G02510.1		1610.78464	0	4.46868E-07				
	LFSMDRPAGLSSLRPLKPAAAPR	5	1	1	AT4G02510.1	M4(Oxidation)	2554.38588	0	2.66356E-05				
	SVTPEPTNPFYASSGQSGKTYASVVAAAAAAAADKEDGGAVSSAK	8	1	1	AT4G02510.1		4287.06655	0	0.000859078				
	VGVEVEELPVSESLKVGSVDAEEDSIPAAESQFEVR	2	1	1	AT4G02510.1	Q32(Deamidated)	3830.88791	0	8.35725E-06				
	ANRSNIFSNSNVTMADETEINLSEEEK	2	1	1	AT4G02510.1	M14(Oxidation)	3058.38810	0	1.20793E-09				
	ATEEGGGKLVSEGDSMVDSSVVDSVDADINVAEPGVVVVGAAK	1	1	1	AT4G02510.1	M16(Oxidation)	4174.99619	0	1.18307E-06				
	EDVEDIKDDGESKIENGSVDVDVK	4	1	1	AT4G02510.1		2634.22666	0	1.10702E-05				
	DKKEFNIHLDSSVSAK	12	1	1	AT4G02510.1		1817.93862	0	5.97028E-05				
	HGENGSTMAGFDIQNVGKQLAYVVR	2	1	1	AT4G02510.1	M8(Oxidation)	2707.32094	0	3.44046E-07				
	SQGDSAYGANLEVR	8	1	1	AT4G02510.1		1466.68620	0	3.45349E-05				
	KAYFEEYDYR	24	1	1	AT4G02510.1		1383.62198	0.000087	0.0023939				
	QFLAELEK	8	1	1	AT4G02510.1		977.53075	0.000146	0.000905258				
	VGSVDAEEDSIPAAESQFEVRK	4	1	1	AT4G02510.1		2363.14267	0.000146	0.000584825				
	LESVDTSAVEPEVVAAESGSEPKDVEK	4	1	1	AT4G02510.1		2801.36533	0.000146	0.000981253				
	DVEEEDVGTKKDDEGESELGGK	4	1	1	AT4G02510.1		2365.05228	0.000146	0.001785438				
	TYASVVAAAAAAAADKEDGGAVSSAK	8	1	1	AT4G02510.1		2352.16550	0.000146	0.00042775				
	EFSFGGKEVDQEPSGEGVTR	8	1	1	AT4G02510.1		2154.98563	0.000164	0.005469441				
	SVTPEPTNPFYASSGQSGKTYASVVAAAAAAAADKEDGGAVSSAK	4	1	1	AT4G02510.1	Q16(Deamidated)	4288.06411	0.000194	0.002060621				
	AYFEEYDYRVK	12	1	1	AT4G02510.1		1482.68818	0.000254	0.000676538				
	EFNIHLDSSVSAK	12	1	1	AT4G02510.1		1446.72150	0.001063	0.02019212				
	GMTYAEVIK	8	1	1	AT4G02510.1		1011.51610	0.005488	0.1098208				
	IENGSVDVDVKQASTDGESESKVK	1	1	1	AT4G02510.1	N3(Deamidated); Q12(Deamidated)	2523.17960	0.070293	0.7186171				
	ELDSSSEAVSGNSDKVGADDLSDSEKEKPNLVGDGK	1	1	1	AT4G02510.1	S24(Phospho)	3758.67641	0.111969	0.7289244	1	0.2	S(4): 14.2; S(5): 14.2; S(6): 14.2; S(10): 13.8; S(13): 14.2; S(22): 14.2; S(24): 15.2	
	VKDVEEEDVGTK	4	1	1	AT4G02510.1		1347.67241						
	TSSSDQLQIALTAILPIAMSIYK	4	1	1	AT4G02510.1	S2(Phospho); T12(Phospho)	2624.28568			10	0.1	T(1): 43.7; S(2): 43.7; S(3): 33.9; S(4): 33.9; T(12): 34.1; S(20): 5.3; Y(22): 5.3	
AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unkn	20.24	1	2		2	13						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	YAPIAMLEHR	8	1	1	AT5G55210.1		1200.61924	0	0.000221158				
	EKVISKDSEIEETEEFDTESPLPK	5	1	1	AT5G55210.1	S20(Phospho)	2859.30375	0	0.001613139	40	0.9	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.2; T(18): 9.8; S(20): 89.9	
AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	18.72	2	7		8	76						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GSGDLNNGVHKIVR	24	2	1	AT2G17410.2		1465.78681	0	4.07687E-05				
	VPGPYVASSNIKSEAR	16	2	1	AT2G17410.2		1674.87650	0	0.00129559				
	HSEENQSPHHHANNVMEQDQAAEER	3	2	1	AT2G17410.2	M16(Oxidation)	2940.22353	0	3.62131E-05				

	LSEDTGSPHHHADILMVQEK	9	2	1	AT2G17410.2	S7(Phospho)	2324.03153	0.00013	0.001237915	22	0.1	S(2): 12.8; T(5): 74.5; S(7): 12.8	
	GSGDLNGVHKIVRTPPVFDGTMR	1	2	1	AT2G17410.2	M23(Oxidation)	2583.31313	0.000146	0.000335691				
	VEQGTDKEIGSGEKR	20	2	1	AT2G17410.2		1632.81699	0.000266	0.004827506				
	LEDRPSEHLSETSMNVEK	1	2	1	AT2G17410.2	M14(Oxidation)	2116.97220	0.00059	0.004044712				
	VSEGELQIPLPLELEPMNIDNQASGSGR	2	2	1	AT2G17410.2	S2(Phospho); S26(Phospho)	3153.41616	0.387901	0.9666474	0	0.2	S(2): 43.8; S(24): 78.1; S(26): 78.1	
AT1G21080.3	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	15.50	3	2		4	77						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AELHKLNGNGQEHDHSSTSPKSDEASR	16	3	1	AT1G21080.3		2931.34438	0	3.42728E-05				
	AELHKLNGNGQEHDHSSTSPK	18	3	1	AT1G21080.3		2286.08274	0	2.5478E-05				
	AELHKLNGNGQEHDHSSTSPKSDEASR	3	3	1	AT1G21080.3	N7(Deamidated)	2932.35415	0	0.000515688				
	AELHKLNGNGQEHDHSSTSPKSDEASR	35	3	1	AT1G21080.3	S19(Phospho)	3011.31923	0.00013	0.001165935	19	0.2	S(16): 46.2; S(17): 16.5; T(18): 16.5; S(19): 16.5; S(22): 2.9; S(26): 1.4	
	STVGPQPEVETVSLVEPQSPYVEAPK	1	1	1	AT1G21080.3	S13(Phospho); Y21(Phospho)	2927.34724	0.681089	1	11	0.3	S(1): 14.4; T(2): 14.4; T(11): 27.5; S(13): 47.7; S(19): 36.8; Y(21): 59.3	
	QAAKELGKK	4	3	1	AT1G21080.3		972.58733						
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	21.85	1	1		2	43						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KKEESEEEEGDFGFDLFG	19	3	2	AT4G25890.1;ATSG57290.3	S5(Phospho)	2171.87139	0.00013	0.000336983	85	1.0	S(5): 100.0	
	GVFTFVCK	24	1	1	AT4G25890.1	C7(Carbamidomethyl)	957.48589	0.000468	0.01209795				
AT5G57290.3	60S acidic ribosomal protein family	45.38	3	5		6	214						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	GGEWTAKQHEGDLEASASSTYDLQR	92	3	1	ATSG57290.3		2736.25595	0	5.56023E-05				
	SKGGEWTAKQHEGDLEASASSTYDLQR	20	3	1	ATSG57290.3		2951.37503	0	1.09903E-10				
	GGEWTAKQHEGDLEASASSTYDLQRK	24	3	1	ATSG57290.3		2864.33292	0	2.37542E-09				
	GVFSFVCK	40	3	1	ATSG57290.3	C7(Carbamidomethyl)	943.47063	0.0001	0.005410938				
	KKEESEEEEGDFGFDLFG	19	3	2	AT4G25890.1;ATSG57290.3	S5(Phospho)	2171.87139	0.00013	0.000336983	85	1.0	S(5): 100.0	
	GVFSFVCKSK	16	3	1	ATSG57290.3	C7(Carbamidomethyl)	1158.59624	0.000164	0.005200002				
	SKGGEWTAKQHEGDLEASASSTYDLQR	1	3	1	ATSG57290.3	Q10(Deamidated)	2952.36660	0.021888	0.3866914				
	GGEWTAKQHEGDLEASASSTYDLQR	2	3	1	ATSG57290.3	Q24(Deamidated)	2737.25161	0.360137	0.9357863				
AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unkn	70.37	1	179		183	3736						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	NLPVETSDADNTLSSQLVSETK	44	1	1	AT5G40450.1		2348.15117	0	2.14563E-11				
	VLDDIQENSNTEAVTNFADR	56	1	1	AT5G40450.1		2251.04350	0	2.61297E-10				
	NAEPVEATQNLDDAEQISR	28	1	1	AT5G40450.1		2099.97734	0	1.47876E-08				
	EINQESFNNVKETDDAIDKTQPEIR	48	1	1	AT5G40450.1		2933.40854	0	6.04867E-06				
	EEGSYGLDTKDEAVSVLESR	48	1	1	AT5G40450.1		2184.02544	0	1.04257E-08				
	HSLEQEEDIGNISK	36	1	1	AT5G40450.1		1598.76262	0	1.08917E-07				
	SVTDLTPLQEESSQPNEQEK	32	1	1	AT5G40450.1		2259.05864	0	7.9673E-07				
	YQGNEPETVLVSNTGSYEK	16	1	1	AT5G40450.1		2114.98393	0	6.41137E-08				
	DAHVETPTAHILEENDSETLIAEAK	36	1	1	AT5G40450.1		2806.39634	0	3.50317E-05				
	EEVPHNALENEEEMNEVVASEK	20	1	1	AT5G40450.1		2526.12613	0	2.06703E-10				
	DIGPSLTEICSINQNQPEEQVK	52	1	1	AT5G40450.1	C10(Carbamidomethyl)	2499.19414	0	0.000543581				
	AEAVDTSTVEEAAILK	24	1	1	AT5G40450.1		1646.84807	0	2.60938E-06				
	DIESLSSVSKTQDKPEPEYEVPNQQKR	96	1	1	AT5G40450.1		3131.54624	0	2.93743E-07				
	NGDNTVNETVSEDQTATDGEPLHDVETIKR	36	1	1	AT5G40450.1		3284.50747	0	1.68809E-08				
	IVNNEETTAHESESLKGDNHQEK	64	1	1	AT5G40450.1		2609.20694	0	2.10341E-12				
	IEDKPKEEVTLHQEGR	48	1	1	AT5G40450.1		1907.97617	0	2.23604E-09				
	ELEVGNDFVSRDGEK	40	1	1	AT5G40450.1		1693.79863	0	5.5453E-07				
	AINDSASSEVSMIKEPADQEEK	28	1	1	AT5G40450.1		2378.09892	0	1.30942E-06				
	EEVDQSSKDTEEHEHVLER	32	1	1	AT5G40450.1		2296.02793	0	1.80239E-09				
	SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEK	20	1	1	AT5G40450.1		2620.11838	0	3.06857E-08				
	SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEKNDNETQTSK	9	1	1	AT5G40450.1	M20(Oxidation)	3653.54506	0	1.21434E-07				
	EETVSVPESIELEEQPQEER	56	1	1	AT5G40450.1		2357.09404	0	1.93388E-08				
	DEESENTKDLFSVVK	48	1	1	AT5G40450.1		1739.83623	0	1.02553E-09				
	HEVSVEEKNNTSENIDHEAAK	24	1	1	AT5G40450.1		2380.09487	0	5.81637E-09				
	EEVDHISNETEEHEHVLER	40	1	1	AT5G40450.1		2331.04575	0	2.66369E-07				
	SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEKNDNETQTSK	20	1	1	AT5G40450.1		3637.55068	0	2.97421E-07				
	TNINESEAHSAIGGEEDGQETK	20	1	1	AT5G40450.1		2316.01627	0	4.61204E-10				
	ESSDEALVSMLASR	8	1	1	AT5G40450.1		1494.70452	0	0.000518087				
	VGETKPKESQAEGAEKSDDQVEDESTK	40	1	1	AT5G40450.1		2921.34243	0	2.10178E-08				
	DEAVSVLESR	24	1	1	AT5G40450.1		1104.55181	0	0.001071275				
	EEDIAPKTEEIQERPSESK	28	1	1	AT5G40450.1		2215.06968	0	1.46011E-07				
	SQETVQDENTEDKHDVLK	24	1	1	AT5G40450.1		2114.98056	0	1.12909E-06				
	IGEEQVADKIQK	36	1	1	AT5G40450.1		1357.72942	0	4.31778E-05				
	SVIDPTPLQKTLESPSEVLEESSK	24	1	1	AT5G40450.1		2710.41172	0	7.81371E-05				
	EAEPFYKTVVEDAKIVNTEETTAHESK	24	1	1	AT5G40450.1		3065.50161	0	2.49756E-07				
	KGDDVVESNEKDFVSDILEAK	56	1	1	AT5G40450.1		2337.14646	0	2.22944E-08				
	SISVETEESVGETKPKEHEDEIR	28	1	1	AT5G40450.1		2628.25815	0	3.03315E-06				
	DVPVPQSETLVTEAK	28	1	1	AT5G40450.1		1612.84123	0	0.000410451				
	LEETKDEKSQEIPETAK	40	1	1	AT5G40450.1		1974.98178	0	1.83042E-05				
	EVEHVKAEMEDAIKHEVSVEEK	32	1	1	AT5G40450.1		2565.23819	0	3.78016E-07				
	NNTSENIDHEAAK	36	1	1	AT5G40450.1		1442.64519	0	8.7549E-06				
	ASEAEHEDPVDDIKSNDDR	20	1	1	AT5G40450.1		2141.91849	0	3.38723E-07				
	ILKEDNHQEEYAESVEATKNSDAAEQSSR	12	1	1	AT5G40450.1		3278.49843	0	3.4447E-09				
	SGEAEKIKEESGLAGK	40	1	1	AT5G40450.1		1632.84116	0	3.20759E-05				
	NSDGTEQISREVTVDRAK	24	1	1	AT5G40450.1		2004.99131	0	7.23911E-06				
	EEILSSSPLSAEEQEHVISDEKQEER	48	1	1	AT5G40450.1		3111.48777	0	5.11116E-08				
	EEVTLHQEGR	16	1	1	AT5G40450.1		1197.58452	0	5.38325E-05				
	TQDKPEPEYEVPNQQKR	44	1	1	AT5G40450.1		2086.01621	0	2.79067E-05				
	GLDIAETTHLSLPSVDQKEDVDEIHIPSVALPLDEQEK	28	1	1	AT5G40450.1		4181.10171	0	2.4567E-06				
	EEDIAPKTEEIQERPSESKASLEPK	40	1	1	AT5G40450.1		2840.40927	0	1.35595E-06				
	TVALDHEEEFVNHEAPK	28	1	1	AT5G40450.1		1964.93259	0	1.04273E-06				
	EIEQEEGKQTNIVKEEIR	32	1	1	AT5G40450.1		2172.11148	0	8.62917E-06				
	SQETVQDENTEDKHDVLKVPSTESEK	32	1	1	AT5G40450.1		2972.39321	0	2.32922E-06				
	SEKSPSDLVLNVDKEELNDEK	32	1	1	AT5G40450.1		2388.17392	0	1.04526E-07				
	DFVSDILEAK	32	1	1	AT5G40450.1		1136.58354	0	1.31343E-05				
	SSAVQEEQFGEHTEPCSSEIK	8	1	1	AT5G40450.1	C16(Carbamidomethyl)	2379.03476	0	0.000331618				
	ELGEQPQQEELCLANEQENETK	28	1	1	AT5G40450.1	C12(Carbamidomethyl)	2616.16777	0	3.3668E-07				
	SFETGEIVEAHSSLPSSSEEK	24	1	1	AT5G40450.1		2250.03806	0	0.00030094				
	YQENEPDISLVSK	20	1	1	AT5G40450.1		1521.74309	0	4.48194E-05				
	ENAEPVEAVKNSDGTEQISR	16	1	1	AT5G40450.1		2173.03891	0	7.66091E-05				
	IEKTDSIELGEIAQEER	12	1	1	AT5G40450.1		2089.03196	0	2.06631E-05				
	IGEEQVADKIQKSFETGEIVEAHSSLPSSSEEK	20	1	1	AT5G40450.1		3588.77456	0	2.696E-07				
	AEMEDAIKHEVSVEEKNNTSENIDHEAAK	12	1	1	AT5G40450.1		3267.50820	0	1.82511E-10				
	GLDIAETTHLSLPSVDQK	28	1	1	AT5G40450.1		1924.00357	0	1.36045E-05				
	NSDGTEQISREVTVDR	24	1	1	AT5G40450.1		1805.86026	0	2.89207E-05				
	HSLEQEEDIGNISKVCEEIPIKTDEVR	16	1	1	AT5G40450.1	C16(Carbamidomethyl)	3167.55410	0	2.39956E-07				

ASLDHEEEMDKITK	8	1	1	AT5G40450.1		1645.77463	0	0.000477135
AINDSASSEVSMIKEPADQEEK	5	1	1	AT5G40450.1	M12(Oxidation)	2394.08603	0	1.18894E-05
KDEESENTKDLFSVVK	24	1	1	AT5G40450.1		1867.92972	0	3.33976E-06
EEILISSSPLSAEEQEHVISDEK	32	1	1	AT5G40450.1		2569.24802	0	7.82597E-05
EAHDVEATSER	28	1	1	AT5G40450.1		1243.55298	0	0.001271584
KGNEEINETER	16	1	1	AT5G40450.1		1318.62055	0	1.22638E-05
ASLDHEEEMDKITKDTEEQEHVLVR	4	1	1	AT5G40450.1		2981.41030	0	2.82085E-05
ISLQVEHLKDFETSKK	20	1	1	AT5G40450.1		1902.02982	0	3.07979E-05
QSLDTPSEEETSKTIDEK	24	1	1	AT5G40450.1		2036.94742	0	0.00041555
VGETKPKESQAEGAEK	20	1	1	AT5G40450.1		1687.84421	0	4.11801E-05
EEVPHNALENEEEMNEVVASEKQISDPVGVIKK	12	1	1	AT5G40450.1		3690.82387	0	0.000169186
SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEK	13	1	1	AT5G40450.1	M20(Oxidation)	2636.10935	0	5.02758E-08
SSAVQEEQFGEHTEPCSSEIKDESHGKEESVEVK	8	1	1	AT5G40450.1	C16(Carbamidomethyl)	3832.69985	0	1.11981E-06
REVEHVKAEMEDAIK	9	1	1	AT5G40450.1	M10(Oxidation)	1799.89029	0	6.57452E-06
KVEEIHEEEPK	16	1	1	AT5G40450.1		1366.68235	0	0.00013085
EIEQEEGKQTNIVK	24	1	1	AT5G40450.1		1644.84172	0	1.35676E-07
TDDEKVKDAEPIGDMR	8	1	1	AT5G40450.1		1818.85086	0	8.03216E-07
TEEIQERPSESKASLEPK	28	1	1	AT5G40450.1		2058.03110	0	3.19881E-05
TVALDHEEEFVNHEAPKLEETKDEK	24	1	1	AT5G40450.1		2937.40664	0	3.316E-05
EISEQEHKLNDLTDVQEDIGTYVK	20	1	1	AT5G40450.1		2803.35862	0	0.000560042
ESFIEAPVSMLASGEDEPVTPQEGDYAANTQEERHVSAETEEK	4	1	1	AT5G40450.1		4707.11880	0	0.000488361
ASEAEHEDPVDDIKSNDDRDFPTEQAPK	28	1	1	AT5G40450.1		3155.39638	0	7.64958E-05
EAIGEELKVPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	52	1	1	AT5G40450.1		3618.78513	0	0.000138296
IILSDVTLENKK	20	1	1	AT5G40450.1		1372.80283	0	0.000165791
THKKSHGILSGVGSK	36	1	1	AT5G40450.1		1535.86081	0	3.14717E-06
SEKSPSDLVLNVDK	24	1	1	AT5G40450.1		1530.80124	0	4.12897E-06
SNDDRDFPTEQAPKDQSDEVSADETVPK	20	1	1	AT5G40450.1		3120.38784	0	4.62998E-05
NLPVETSDADNTLSSQLVSETKEEHKLQAGEILPTEIIPR	32	1	1	AT5G40450.1		4402.26484	0	4.46682E-05
GDGHDSVAAQKEETSSIEEKR	12	1	1	AT5G40450.1		2273.05703	0	8.76431E-07
EEDTTGKPEEVSVEKPVIEEDQTEAK	16	1	1	AT5G40450.1		2916.37661	0	2.25023E-07
SHGILSGVGSKVK	16	1	1	AT5G40450.1		1268.73145	0	0.000462773
AEMEDAIKHEVSVEEK	8	1	1	AT5G40450.1		1843.87461	0	0.00024803
NNTSENIDHEAAKEIEQEEGKQTNIVK	16	1	1	AT5G40450.1		3068.47060	0	2.82709E-05
VQVPDDEIKGDGHDSVAAQKEETSSIEEK	24	1	1	AT5G40450.1		3140.48208	0	4.33882E-05
EDVDEIHIPSVALPLDEQEK	12	1	1	AT5G40450.1		2276.13187	0	0.000344771
VQVPDDEIKGDGHDSVAAQK	20	1	1	AT5G40450.1		2108.02640	0	4.71943E-05
EEVTLHQEGREEGSYGLDTKDEAVSVLESR	16	1	1	AT5G40450.1		3362.59829	0	4.91397E-05
DPVSDILEAKRSLDK	16	1	1	AT5G40450.1		1842.96975	0	0.000138226
SSVETEESVGETKPK	16	1	1	AT5G40450.1		1719.86167	0	0.000293147
ATETTIDQTLPIGTSQADQTPSLVSDKDDQTPKQVEEILEEETK	12	1	1	AT5G40450.1		4829.34633	0	3.7051E-06
DVNMLDVQSGESEKYQENEPDISLVSK	4	1	1	AT5G40450.1	Q16(Deamidated)	3054.41489	0	2.68452E-06
EAIGEELKVPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	8	1	1	AT5G40450.1	Q19(Deamidated)	3619.77719	0	2.39505E-06
NGDNTVNETVSEDQTATDGEPLHDVETIKR	12	1	1	AT5G40450.1	Q14(Deamidated)	3285.51357	0	1.77088E-07
EEILISSSPLSAEEQEHVISDEKQEER	2	1	1	AT5G40450.1	Q24(Deamidated)	3112.48386	0	0.000193732
EEDTTGKPEEVSVEKPVIEEDQTEAK	2	1	1	AT5G40450.1	Q22(Deamidated)	2917.37748	0	8.71384E-06
EEVPHNALENEEEMNEVVASEKQISDPVGVIKK	4	1	1	AT5G40450.1	Q23(Deamidated)	3691.80263	0	0.000306553
SSAVQEEQFGEHTEPCSSEIKDESHGKEESVEVK	2	1	1	AT5G40450.1	Q8(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	3833.70180	0	4.20998E-06
GLDIAETTHLSLPSVDQKEDVDEIHIPSVALPLDEQEK	10	1	1	AT5G40450.1	Q17(Deamidated)	4182.11098	0	1.43929E-06
DIESLSSVSKTQDKPEPEYEVPNQQKR	23	1	1	AT5G40450.1	N23(Deamidated)	3132.53945	0	0.000113667
ILKEDNHQEEYAESVEATKNSDAAEQSSR	4	1	1	AT5G40450.1	N6(Deamidated)	3279.49868	0	5.98406E-05
NLPVETSDADNTLSSQLVSETKEEHKLQAGEILPTEIIPR	5	1	1	AT5G40450.1	Q16(Deamidated)	4403.25454	0	0.000300647
ATETTIDQTLPIGTSQADQTPSLVSDKDDQTPKQVEEILEEETK	6	1	1	AT5G40450.1	Q30(Deamidated)	4830.34194	0	0.000634155
DAHVETPTAPIILEENDSETLIAEAKKGNEEINETER	8	1	1	AT5G40450.1		4106.01674	0	9.34252E-07
NSDGTEQISR	4	1	1	AT5G40450.1		1106.50481	0	0.000142335
DFPTEQAPKDQSDEVSADETVPK	20	1	1	AT5G40450.1		2533.15500	0	1.66269E-06
TVETSVNGTEAEHNATVSVEEISR	16	1	1	AT5G40450.1		2559.21311	0	7.3339E-07
ILKEDNHQEEYAESVEATK	12	1	1	AT5G40450.1		2233.05979	0	3.27274E-08
GLDIAETTHLSLPSVDQKEDVDEIHIPSVALPLDEQEKVTSTEK	8	1	1	AT5G40450.1		4826.47535	0	0.000364815
DETHETVKEEDQIVDIK	16	1	1	AT5G40450.1		2027.97123	0	7.43644E-06
EDDKVALQEDNCADDVR	4	1	1	AT5G40450.1	C12(Carbamidomethyl)	1991.85788	0	2.41683E-06
DETHETVKEEDQIVDIKDK	16	1	1	AT5G40450.1		2271.09853	0	0.001246821
EEVPHNALENEEEMNEVVASEKQISDPVGVIKK	9	1	1	AT5G40450.1	M14(Oxidation)	3706.80532	0	1.76849E-08
EDDKVALQEDNCADDVRETNDIQEER	4	1	1	AT5G40450.1	C12(Carbamidomethyl)	3106.35048	0	7.10727E-05
TEEDENDDEDHEHKDDKTSPDSIVMVEAK	4	1	1	AT5G40450.1		3357.41591	0	5.27194E-06
VTSTEKGETKSSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEK	4	1	1	AT5G40450.1		3680.65229	0	1.34968E-05
EVEHVKAEMEDAIKHEVSVEEK	7	1	1	AT5G40450.1	M9(Oxidation)	2581.23777	0	1.91721E-06
ESFIEAPVSMLASGEDEPVTPQEGDYAANTQEERHVSAETEEK	3	1	1	AT5G40450.1	Q22(Deamidated)	4708.12026	0	9.51592E-07
SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEKNDNETQTSK	3	1	1	AT5G40450.1	N25(Deamidated)	3638.54995	0	1.07736E-09
VPSTESEKYQGNEPETVLVSNTGSYEK	3	1	1	AT5G40450.1	N12(Deamidated)	2973.39621	0	1.05275E-07
ESFIEAPVSMLASGEDEPVTPQEGDYAANTQEERHVSAETEEK	3	1	1	AT5G40450.1	Q22(Deamidated); Q31(Deamidated)	4709.10610	0	8.04511E-05
HSLEQEEDIGNISKVCEEIPIKTDEVR	4	1	1	AT5G40450.1	N11(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	3168.55019	0	5.38843E-05
ATETTIDQTLPIGTSQADQTPSLVSDKDDQTPKQVEEILEEETK	10	1	1	AT5G40450.1	Q8(Deamidated); Q34(Deamidated)	4831.35268	0	2.43635E-05
DAHVETPTAPIILEENDSETLIAEAKKGNEEINETER	13	1	1	AT5G40450.1	N33(Deamidated)	4107.00454	0	1.35765E-07
IEEKPEEEVTLYQEGQVDGSYGLETK	16	1	1	AT5G40450.1		2970.40134	0	1.40447E-07
DVNMLDVQSGESEKYQENEPDISLVSK	3	1	1	AT5G40450.1	M4(Oxidation)	3069.41471	0	2.17506E-06
EDVDEIHIPSVALPLDEQEKVTSTEKGETK	16	1	1	AT5G40450.1		3336.67348	0	0.000328997
ASLDHEEEMDKITK	5	1	1	AT5G40450.1	M9(Oxidation)	1661.76450	0	1.20838E-05
EITNEVPSLENSK	16	1	1	AT5G40450.1		1459.72673	0	0.000135182
EEVPHNALENEEEMNEVVASEK	6	1	1	AT5G40450.1	M14(Oxidation)	2542.12131	0	7.60736E-07
EEHKLQAGEILPTEIIPR	8	1	1	AT5G40450.1		2073.13401	0	0.000984938
ESFIEAPVSMLASGEDEPVTPQEGDYAANTQEERHVSAETEEK	4	1	1	AT5G40450.1	M10(Oxidation)	4723.11880	0	3.40999E-05
GDGHDSVAAQKEETSSIEEK	12	1	1	AT5G40450.1		2116.95371	0	0.000272644
SLSDHIQKEPK	8	1	1	AT5G40450.1		1281.67838	0	0.000360799
ISLQVEHLKDFETSK	16	1	1	AT5G40450.1		1773.93619	0	1.30641E-05
ERGLDIAETTHLSLPSVDQK	12	1	1	AT5G40450.1		2209.15097	0	0.000183775
TEEDENDDEDHEHKDDKTSPDSIVMVEAK	5	1	1	AT5G40450.1	M25(Oxidation)	3373.41030	0	1.92556E-05
VTSTEKGETKSSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEK	6	1	1	AT5G40450.1	M30(Oxidation)	3696.66591	0	3.44685E-05
TVALDHEEEFVNHEAPKLEETK	4	1	1	AT5G40450.1		2565.24404	0	0.001400516
TAETFSVQEAEILKTNINESEAHSAIGGEEDGQETK	8	1	1	AT5G40450.1		3862.79043	0	0.000386823
ASEAEHEDPVDDIKSNDDRDFPTEQAPK	2	1	1	AT5G40450.1	N16(Deamidated)	3156.39541	0	1.02012E-05
TAETFSVQEAEILKTNINESEAHSAIGGEEDGQETK	2	1	1	AT5G40450.1	Q8(Deamidated)	3863.80092	0	0.000627826
DDEEQEIVSSEVK	4	1	1	AT5G40450.1		1506.68157	0	0.002114959
EAIGEELKVPSSK	12	1	1	AT5G40450.1		1386.74883	0	1.63584E-05
EETVDALITNVQVQDQPKEDFEAAAIEK	4	1	1	AT5G40450.1		3130.53843	0	0.000640492
ETHKVQAEDIFSTETVPK	4	1	1	AT5G40450.1		2059.03397	0	0.000734619

	GLDIAETTHLSLPSVDQKEDVDEIHIPSVALPLDEQEKVTSTEK	2	1	1	AT5G40450.1	Q17(Deamidated)	4827.44886	0	0.000206454				
	SQETVQDENTEDKHDVLKVPSTESEK	6	1	1	AT5G40450.1	N9(Deamidated)	2973.38588	0	2.16891E-05				
	EDVDEIHIPSVALPLDEQEKVTSTEKGETK	1	1	1	AT5G40450.1	Q18(Deamidated)	3337.65664	0	0.000793744				
	DVNMLDVQSGESEK	2	1	1	AT5G40450.1	M4(Oxidation)	1566.69292	0	5.15931E-05				
	ASLDHEEEMDKITKDTEEQEHVLVR	7	1	1	AT5G40450.1	M9(Oxidation)	2997.40461	0	3.6468E-07				
	EAIGEELKVPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	6	1	1	AT5G40450.1	Q19(Deamidated); N21(Deamidated)	3620.74875	0	0.001471659				
	LDAIEKEELETVKTVVQDAK	4	1	1	AT5G40450.1		2258.22123	0	0.006558372				
	SVEQMQKPKLESPSEVSEETSKTVDEK	2	1	1	AT5G40450.1	M5(Oxidation)	3065.47817	0	1.40641E-05				
	DIGPSLTEICSINQNQPEEQVK	10	1	1	AT5G40450.1	C10(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	2500.19756	0	1.66287E-05				
	VLDDIQENSNTEAVTNFADR	4	1	1	AT5G40450.1	N16(Deamidated)	2252.04563	0	4.35336E-05				
	HSLEQEEDIGNISKVCEEIPIKTDEVR	1	1	1	AT5G40450.1	Q5(Deamidated); N11(Deamidated); C16(Carbamidomethyl)	3169.53505	0	2.08626E-05				
	EPQQGFNGSTSEK	24	1	1	AT5G40450.1		1466.63396	0.000087	0.004460451				
	EAHDVEATSERNLPVETSDADNTLSSQLVSETK	28	1	1	AT5G40450.1		3572.67592	0.000087	0.000192361				
	LQEEQVDKHEPTK	20	1	1	AT5G40450.1		1580.78757	0.000087	0.000368592				
	ERGLDIAETTHLSLPSVDQKEDVDEIHIPSVALPLDEQEK	4	1	1	AT5G40450.1		4466.24799	0.000087	0.000231841				
	TDDEKVKDAEPIGDMR	6	1	1	AT5G40450.1	M15(Oxidation)	1834.84623	0.000099	0.000172037				
	DIESLSSVSKTQDKPEPEYEVPNQQKR	3	1	1	AT5G40450.1	Q12(Deamidated); Q24(Deamidated)	3133.52846	0.0001	0.000406076				
	TEEDENDDEDHEHKDDKTSPDSIVMVEAK	16	1	1	AT5G40450.1	S19(Phospho)	3437.38735	0.00013	0.000361432	12	0.1	T(1): 61.9; T(18): 12.7; S(19): 12.7; S(22): 12.7	
	EDFEAAAIEK	20	1	1	AT5G40450.1		1122.53057	0.000146	0.002241841				
	VPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	4	1	1	AT5G40450.1		2749.31723	0.000146	0.000847262				
	EVEHVKAEMEDAIK	4	1	1	AT5G40450.1	M9(Oxidation)	1643.79251	0.000146	0.000890949				
	AEMEDAIKHEVSVEEK	2	1	1	AT5G40450.1	M3(Oxidation)	1859.86374	0.000146	0.000659014				
	KKDDEEQEIVSSEVK	4	1	1	AT5G40450.1		1762.86875	0.000146	0.000764985				
	NNTSENIDHEAAKEIEQEEGK	4	1	1	AT5G40450.1		2385.07505	0.000149	0.000293638				
	DTVSIVKTHKK	28	1	1	AT5G40450.1		1255.73462	0.000153	0.000504186				
	ETDDAIDKTQPEIR	12	1	1	AT5G40450.1		1630.79166	0.000186	0.000237797				
	ETKLEKHEPTNEEVK	8	1	1	AT5G40450.1		1810.91269	0.000192	0.001083893				
	LEKHEPTNEEVK	8	1	1	AT5G40450.1		1452.72910	0.000192	0.001998555				
	ELEVGNDFVSR	16	1	1	AT5G40450.1		1264.61479	0.000194	0.008523016				
	NAEPVEATQNLDDAEQISREVTVDTER	4	1	1	AT5G40450.1		3029.41935	0.000194	0.003417076				
	EEVDQSSKDTEEHEHVLER	1	1	1	AT5G40450.1	Q5(Deamidated)	2297.02970	0.000194	0.003186324				
	EETVSVPESIELEEQPQEER	2	1	1	AT5G40450.1	Q15(Deamidated)	2358.09500	0.000196	0.006822792				
	DAHVETPTAPIILEENDSETLIAEAK	1	1	1	AT5G40450.1	N16(Deamidated)	2807.39115	0.000239	0.003156297				
	EIAQVLPREEILISSSPLSAEEQEHVISDEKQEER	3	1	1	AT5G40450.1	Q4(Deamidated); Q32(Deamidated)	4020.02089	0.000239	0.01048817				
	ETNDIQEER	20	1	1	AT5G40450.1		1133.50383	0.000274	0.00562935				
	EVTVDRAKEEDIAPK	24	1	1	AT5G40450.1		1699.88358	0.000274	0.0077716				
	DQSDEVSADETVPKEAIGEELKVPSSK	4	1	1	AT5G40450.1		2887.40249	0.000313	0.005282543				
	ITKDTEEQEHVSLR	4	1	1	AT5G40450.1		1696.88486	0.000313	0.01201955				
	EEKEEINQESFNNVK	4	1	1	AT5G40450.1		1836.85984	0.000313	0.01026683				
	VPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	8	1	1	AT5G40450.1	Q11(Deamidated)	2750.32029	0.000355	0.01281867				
	SLETVQTVESPSSLLFSSEEQDHVTVAEEIVDEK	1	1	1	AT5G40450.1	Q6(Deamidated); Q21(Deamidated)	3763.79221	0.000355	0.02061617				
	KVLTGKSSHTTKPSSPT	12	1	1	AT5G40450.1		1755.95212	0.000356	0.005104174				
	EDFEAAAIEKEISEQEHKLNDLTDVQEDIGTYVK	2	1	1	AT5G40450.1	Q15(Deamidated)	3907.86733	0.000362	0.0142885				
	DIGPSLTEICSINQNQPEEQVKEACSKEEQEK	6	1	1	AT5G40450.1	C10(Carbamidomethyl); Q16(Deamidated); C25(Carbamidomethyl)	3718.71303	0.000413	0.003578819				
	KEEEEAEMKTDAEPR	3	1	1	AT5G40450.1	M8(Oxidation)	1807.79660	0.000467	0.002945346				
	NLPVETSDADNTLSSQLVSETKEEHKLQAGEILPTEIIPR	2	1	1	AT5G40450.1	N11(Deamidated); Q28(Deamidated)	4404.25210	0.000481	0.002366622				
	VKDAEPIGDMRER	1	1	1	AT5G40450.1	M10(Oxidation)	1531.74909	0.000507	0.005454767				
	EEILSSSPLSAEEQEHVISDEKQEEREPQQDFNGSTSEK	3	1	1	AT5G40450.1	Q24(Deamidated)	4560.11733	0.000551	0.004036312				
	LESPSEVSEETSKTVDEK	12	1	1	AT5G40450.1		1993.94071	0.000564	0.04240224				
	EAIGEELKVPSSKVLDDIQENSNTEAVTNFADR	4	1	1	AT5G40450.1	Q19(Deamidated); N21(Deamidated); N23(Deamidated)	3621.74668	0.000564	0.02981254				
	EETDSRTVETSVNGTEAEHNATVSVEEISR	2	1	1	AT5G40450.1	N20(Deamidated)	3277.50991	0.000564	0.03167483				
	EAEPFYKTVVEDAKIVNTEETTAHESK	1	1	1	AT5G40450.1	N17(Deamidated)	3066.49648	0.000564	0.02747018				
	TENGDKFEEIPSVVEGAGLDETTHNQTLLDVESVVK	4	1	1	AT5G40450.1		3899.91250	0.000628	0.0140026				
	DLFSVVK	12	1	1	AT5G40450.1		807.46086	0.000671	0.007645185				
	VKDAEPIGDMR	3	1	1	AT5G40450.1	M10(Oxidation)	1246.60637	0.000846	0.0124826				
	EIAQVLPR	24	1	1	AT5G40450.1		925.54650	0.000859	0.01336339				
	EITNEVPSLENSKIEEELQK	4	1	1	AT5G40450.1		2329.16782	0.000859	0.01483681				
	SNDDRDFPTEQAPKDQSDEVSADETVPK	3	1	1	AT5G40450.1	Q11(Deamidated)	3121.38686	0.000887	0.01859092				
	DLPVQNLSELIQSHQSPNQVEETSFEFNKAQEDKK	2	1	1	AT5G40450.1	Q31(Deamidated)	4057.96918	0.001085	0.05385988				
	SQETVQDENTEDKHDVLK	3	1	1	AT5G40450.1	N9(Deamidated)	2115.98178	0.001744	0.04051502				
	KSLSDHIQKEPK	4	1	1	AT5G40450.1		1409.77045	0.001791	0.05858622				
	EITNEVPSLENSKIEEELQKK	4	1	1	AT5G40450.1		2457.26919	0.001791	0.05651543				
	EEVPMLQIKNEDDATKIHETR	4	1	1	AT5G40450.1		2496.23930	0.001954	0.05137909				
	EAHDVEATSERNLPVETSDADNTLSSQLVSETK	1	1	1	AT5G40450.1	N12(Deamidated)	3573.68740	0.002675	0.09359936				
	DESHGKEESVEVK	4	1	1	AT5G40450.1		1472.68164	0.004899	0.1231936				
	DDEEQEVSSEVKKDNK	4	1	1	AT5G40450.1		1991.93570	0.007707	0.1632198				
	EELETVKTVVQDAK	4	1	1	AT5G40450.1		1588.84385	0.008072	0.1586531				
	LQAGEILPTEIIPR	4	1	1	AT5G40450.1		1549.88555	0.01945	0.3370504				
	SNDDRDFPTEQAPK	4	1	1	AT5G40450.1		1619.72641	0.020914	0.3892463				
	EAEPFYKTVVEDAK	4	1	1	AT5G40450.1		1625.80405	0.029117	0.5174216				
	DAEPIGDMRER	2	1	1	AT5G40450.1	M8(Oxidation)	1304.58550	0.237503	1				
	ELEVGNDFVSRDGEK	1	1	1	AT5G40450.1	N6(Deamidated)	1694.79032	0.338844	1				
	TVVEDAKIVNTEETTAHESKILK	1	1	1	AT5G40450.1	T11(Phospho); T14(Phospho)	2715.29646	0.480301	0.9747164	8	0.2	T(1): 21.6; T(11): 52.3; T(14): 52.3; T(15): 52.3; S(19): 21.6	
	VQVPDDEIKGDGHDSVAAQKEETSSIEEK	1	1	1	AT5G40450.1	Q19(Deamidated)	3141.45399	0.576598	1				
	YQENEPDISLVSKTENGDK	1	1	1	AT5G40450.1	Y1(Phospho); S12(Phospho); T14(Phospho)	2405.92453	0.651266	1	43	1.0	Y(1): 99.9; S(9): 0.7; S(12): 99.7; T(14): 99.7	
	EEDQIVDIKDKK	4	1	1	AT5G40450.1		1459.77225						
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	18.53	1	2		3	19						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AGDSVLRKAEDVVSSMLAK	4	1	1	AT4G17720.1		1976.04380	0	5.25555E-05				
	VHLSESPKAASSTQEAER	13	1	1	AT4G17720.1	S6(Phospho)	2006.91483	0.000141	0.001733861	61	0.9	S(4): 13.8; S(6): 86.2; S(11): 0.0; S(12): 0.0; T(13): 0.0	
	SVDEKHQLTSTASAKVASFDK	2	1	1	AT4G17720.1	S18(Phospho)	2329.11115	0.422044	0.9562167	9	0.1	S(1): 2.2; T(9): 12.8; S(10): 12.8; T(11): 12.8; S(13): 46.7; S(18): 12.8	
AT1G01320.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	16.79	2	26		28	644						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LVADFGSLELSPVDGR	16	4	3	AT1G01320.2;AT1G15290.1;AT4G28080.1		1674.86394	0	2.69231E-08				
	NVEADIDNPLFQNATQQNDKYYILK	24	2	1	AT1G01320.2		2954.45176	0	3.49475E-07				
	NSVVSLGKSPSYK	24	2	1	AT1G01320.2		1365.73442	0	7.51668E-06				
	NGTPKPDASIASKGHLSVSDLLDYINPSHNAK	72	2	1	AT1G01320.2		3346.69668	0	2.17163E-07				
	RTASYSSYADHHSPGLTTQGTK	16	2	1	AT1G01320.2		2365.11440	0	1.28957E-05				
	SKQSNVSEHLVEIPR	48	2	1	AT1G01320.2		1722.91147	0	5.90079E-05				
	TASYSSYADHHSPGLTTQGTK	48	2	1	AT1G01320.2		2209.01200	0	6.37386E-06				
	GHLSVSDLLDYINPSHNAK	28	2	1	AT1G01320.2		2080.04624	0	3.98447E-07				
	NSVVSLGKSPSYKEVALAPPGSIAK	52	2	1	AT1G01320.2		2499.38047	0	6.18897E-07				
	ASIGKVYTYQKK	24	2	1	AT1G01320.2		1385.77851	0	1.37458E-05				
	RASIGKVYTYQK	24	2	1	AT1G01320.2		1413.78522	0	0.000268598				
	ASIGKVYTYQK	28	2	1	AT1G01320.2		1257.68096	0	5.427E-05				

	EGTQDVAVADEVMDSVNHVNNAVAR	8	2	1	AT1G01320.2		2640.22556	0	3.0562E-06					
	KRTASYSSYADHHSPGLTTQGTK	24	2	1	AT1G01320.2		2493.20644	0	0.000101504					
	QSNVSEHLVEIPR	24	2	1	AT1G01320.2		1507.78553	0	9.22695E-05					
	EKSKQSNVSEHLVEIPR	24	2	1	AT1G01320.2		1980.05031	0	0.00034984					
	NGTPKPDASIASKGHLSVSDLLDYINPSHNAK	9	2	1	AT1G01320.2	N1(Deamidated)	3347.69326	0	2.08265E-06					
	YQVWVPQAEVSDKQEDDEMEKK	3	2	1	AT1G01320.2	Q14(Deamidated)	2682.22231	0	0.000646536					
	YQVWVPQAEVSDKQEDDEMEKK	4	2	1	AT1G01320.2		2681.23867	0	1.55249E-07					
	TAGETSEEDGLKTDASSVEPPTLSSTVQSEAYHTK	5	2	1	AT1G01320.2	Q28(Deamidated)	3653.69863	0	8.90551E-06					
	TAGETSEEDGLKTDASSVEPPTLSSTVQSEAYHTK	12	2	1	AT1G01320.2		3652.69253	0	5.46254E-05					
	EGTQDVAVADEVMDSVNHVNNAVAR	7	2	1	AT1G01320.2	M13(Oxidation)	2656.22440	0	2.32673E-05					
	KRTASYSSYADHHSPGLTTQGTK	1	2	1	AT1G01320.2	Q20(Deamidated)	2494.20229	0	0.000524972					
	NSVVSLGKSPSYKEVALAPPGSIAK	1	2	1	AT1G01320.2	N1(Deamidated)	2500.37528	0	0.00080073					
	KNVEADIDNPLFQNATQQNDKYYILK	4	2	1	AT1G01320.2		3082.55825	0	0.000507671					
	NGTPKPDASIASKGHLSVSDLLDYINPSHNAK	3	2	1	AT1G01320.2	N1(Deamidated); N26(Deamidated)	3348.68520	0	0.001938593					
	TFSILLR	20	2	1	AT1G01320.2		849.51940	0.000087	0.000634866					
	NVEADIDNPLFQNATQQNDKYYILKK	12	2	1	AT1G01320.2		3082.55166	0.000087	0.000891537					
	AFEQQEAAR	8	2	1	AT1G01320.2		1049.49932	0.000141	0.001857466					
	DEQMITGLEEEVKK	1	2	1	AT1G01320.2	M4(Oxidation)	1664.80313	0.000254	0.001571404					
	TASYSSYADHHSPGLTTQGTK	2	2	1	AT1G01320.2	Q18(Deamidated)	2209.99637	0.000285	0.000741415					
	EGTQDVAVADEVMDSVNHVNNAVAR	12	2	1	AT1G01320.2	N21(Deamidated)	2641.22458	0.000355	0.008326766					
	NSVVSLGKSPSYKEVALAPPGSIAK	5	2	1	AT1G01320.2	S11(Phospho)	2579.34610	0.000356	0.003706113	30	0.4	S(2): 0.2; S(5): 6.0; S(9): 6.0; S(11): 43.3; Y(12): 43.3; S(22): 1.1		
	EVALAPPGSIAK	28	2	1	AT1G01320.2		1152.66240	0.00067	0.008348147					
	MPISLLNRPYDSQPFK	1	2	1	AT1G01320.2	M1(Oxidation)	1921.98539	0.000744	0.00498119					
	STQPSSGNAKTAGETSEEDGLKTDASSVEPPTLSSTVQSEAYHTK	10	2	1	AT1G01320.2	S26(Phospho)	4690.11245	0.000811	0.04504684	41	0.2	S(1): 2.7; T(2): 2.7; S(5): 2.7; S(6): 2.7; T(11): 2.7; T(15): 17.1; S(16): 17.1; T(23): 17.1; S(26): 17.1; S(27): 17.1; T(32): 0.5; S(34): 0.1; S(35): 0.1; T(36): 0.1; S(39)		
	STQPSSGNAKTAGETSEEDGLKTDASSVEPPTLSSTVQSEAYHTK	3	2	1	AT1G01320.2	N8(Deamidated); Q38(Deamidated)	4612.14765	0.002614	0.0873301					
	QEDDEMEKKTEQGTSMELTR	4	2	1	AT1G01320.2	Q1(Deamidated); Q12(Deamidated)	2387.02567	0.0048	0.1497811					
	SPSYKEVALAPPGSIAK	4	2	1	AT1G01320.2		1714.93558	0.017568	0.3571751					
	QEDDEMEKKTEQGTSMELTR	1	2	1	AT1G01320.2	M16(Oxidation)	2401.03873	0.10843	0.9885107					
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	61.17	1	30		30	801							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	SRQDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	14	1	1	AT4G11740.1	M25(Oxidation)	3151.41079	0	3.23252E-09					
	LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	36	1	1	AT4G11740.1		2388.07475	0	6.67567E-07					
	SQGYKASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	36	1	1	AT4G11740.1		3064.48990	0	2.98506E-10					
	LQTLFNFIDIAR	24	1	1	AT4G11740.1		1450.80425	0	2.50159E-05					
	SRQDRPAGSVANNNNQDYNDIEEEMIR	16	1	1	AT4G11740.1		3135.41005	0	1.38606E-08					
	SAEEEVLRSQGYKASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	28	1	1	AT4G11740.1		3977.93276	0	4.65897E-05					
	SDKLQTLFNFIDIAR	16	1	1	AT4G11740.1		1780.95993	0	1.25178E-07					
	EASIPKEPQADEENAITLLIR	48	1	1	AT4G11740.1		2337.22940	0	1.68232E-07					
	TIGRPPFSLLDSDFAR	120	1	1	AT4G11740.1		1791.93802	0	1.14388E-06					
	EEEAQRKLEEEQELER	24	1	1	AT4G11740.1		2044.97550	0	0.000250452					
	EVRQIPIEVKDSSGPSGR	44	1	1	AT4G11740.1		1954.03444	0	2.5155E-05					
	ASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	12	1	1	AT4G11740.1		2501.21756	0	7.79168E-05					
	HAFGDGESESTLNDLGLTSKQEALFLELI	28	1	1	AT4G11740.1		3134.55979	0	0.00041204					
	RVFDSDPLMPRPPFVSHPR	20	1	1	AT4G11740.1		2250.15786	0	1.39449E-05					
	QIPIEVKDSSGPSGR	28	1	1	AT4G11740.1		1569.82012	0	1.64452E-05					
	RVFDSDPLMPRPPFVSHPR	16	1	1	AT4G11740.1	M9(Oxidation)	2266.15249	0	4.30203E-07					
	VFDSDPLMPRPPFVSHPR	8	1	1	AT4G11740.1		2094.05825	0	0.000548477					
	SGSPEEEHASINPAER	36	1	1	AT4G11740.1		1709.77153	0	1.53228E-05					
	EQQDDEYVASLQADRDK	24	1	1	AT4G11740.1		2009.90183	0	0.000354707					
	HAFGDGESESTLNDLGLTSK	20	1	1	AT4G11740.1		2077.97000	0	6.56177E-05					
	FLKSDKLQTLFNFIDIAR	36	1	1	AT4G11740.1		2169.20267	0	6.02838E-07					
	EQQDDEYVASLQADR	12	1	1	AT4G11740.1		1766.78032	0	2.7527E-10					
	EPQADEENAITLLIR	12	1	1	AT4G11740.1		1711.88848	0	0.000572732					
	EQQDDEYVASLQADRDKEMK	4	1	1	AT4G11740.1	M19(Oxidation)	2414.07436	0	0.000150876					
	VFDSDPLMPRPPFVSHPR	4	1	1	AT4G11740.1	M8(Oxidation)	2110.05019	0	7.00591E-05					
	ATPNQEAIDTFISITGASDAVALQK	1	1	1	AT4G11740.1	N-Term(Acetyl)	2603.31992	0	8.33236E-06					
	EQQDDEYVASLQADRDKEMK	8	1	1	AT4G11740.1		2398.08213	0.000087	0.001218511					
	KLEEEQELER	28	1	1	AT4G11740.1		1302.65117	0.000087	0.002089827					
	ASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	4	1	1	AT4G11740.1	Q15(Deamidated)	2502.21970	0.0001	0.003411151					
	SRSGSPEEEHASINPAER	8	1	1	AT4G11740.1		1952.89890	0.000186	0.001786855					
	SAEEEVLRSQGYKASTSEIGASAVTAAQGPQDTQALNGR	5	1	1	AT4G11740.1	Q10(Deamidated)	3978.93471	0.000239	0.0108028					
	AQPRPPSPSLTAQR	21	1	1	AT4G11740.1	S9(Phospho)	1585.78240	0.000425	0.01321627	88	1.0	S(7): 0.6; S(9): 98.8; T(11): 0.6		
	LEEHRGDLNSAVNAYFSEGDRNVVR	4	1	1	AT4G11740.1		2888.40864	0.00059	0.004412866					
	HRPRRAASGSLAPPNADR	28	1	1	AT4G11740.1		1929.02121	0.000594	0.01693164					
	EVRQIPIEVK	12	1	1	AT4G11740.1		1210.71512	0.000664	0.06287037					
	LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	1	1	1	AT4G11740.1	Q18(Deamidated)	2389.07334	0.000717	0.00941948					
	EQQDDEYVASLQADRDKEMK	3	1	1	AT4G11740.1	Q12(Deamidated)	2399.07859	0.002903	0.04791047					
	QIPIEVK	12	1	1	AT4G11740.1		826.50353	0.012267	0.2385176					
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	25.21	1	10		10	148							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	48	1	1	AT1G43690.1		2476.13285	0	5.17968E-07					
	VLPISVVGGDKDEEVVGSCLGK	12	1	1	AT1G43690.1	C19(Carbamidomethyl)	2257.16672	0	0.000196531					
	MVLFPKSPSPVNK	8	1	1	AT1G43690.1		1443.80252	0	0.000171974					
	DSEVNQPKPVQHAPLVDCIR	40	1	1	AT1G43690.1	C18(Carbamidomethyl)	2302.16214	0	1.50309E-05					
	ADHQEDEDLKLALK	6	1	1	AT1G43690.1	N-Term(Acetyl)	1666.82645	0	5.92577E-06					
	MSMQYNPPEPK	4	1	1	AT1G43690.1	M1(Oxidation); M3(Oxidation)	1353.57793	0	0.000254173					
	ELMAAAAEKR	2	1	1	AT1G43690.1	M3(Oxidation)	1105.56658	0	1.90324E-05					
	SDINGGGQAMAVEGGMVPMQRPR	2	1	1	AT1G43690.1	M10(Oxidation); M16(Oxidation); M19(Oxidation)	2406.09244	0	3.8378E-08					
	VFDIYHFNGIAK	16	1	1	AT1G43690.1		1423.73600	0.000087	0.00384					
	DSEVNQPKPVQHAPLVDCIRTR	3	1	1	AT1G43690.1	Q6(Deamidated); C18(Carbamidomethyl)	2560.30654	0.000194	0.008573644					
	MVLFPKSPSPVNK	1	1	1	AT1G43690.1	M1(Oxidation)	1459.79789	0.000274	0.00195183					
	RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	6	1	1	AT1G43690.1	S20(Phospho)	2556.10105	0.000425	0.005019739	59	1.0	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 0.3; S(16): 4.6; S(20): 95.1		
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	39.11	2	19		20	253							
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**		
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESK	12	1	1	AT1G07110.1		2374.09526	0	4.88343E-07					
	NSEDSGVTVDGSPSAK	12	2	1	AT1G07110.1		1549.69292	0	3.90374E-06					
	ENLQPSTVRGIPDVSINPDPK	20	2	1	AT1G07110.1		2276.19065	0	0.000148426					
	SLSASGSFRNDSTPKAAQR	16	1	1	AT1G07110.1		1979.98569	0	0.000138316					
	HLAIVLVGLPAR	4	1	1	AT1G07110.1		1258.79761	0	0.000387437					
	IGGDSVISDSGKLYAK	24	1	1	AT1G07110.1		1609.84439	0	8.90539E-05					
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYAADNAENPR	18	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	4345.03342	0	4.66781E-08					
	TNLTASSIVGFPKVQWR	4	1	1	AT1G07110.1		1904.03849	0	3.84197E-07					
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYAADNAENPR	16	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl)	4344.02890	0	3.59802E-06					
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESKSVETLSPFQQK	5	1	1	AT1G07110.1	M2(Oxidation)	3634.73398	0	2.45553E-05					
	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYAADNAENPR	1	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl); N26(Deamidated); N35(Deamidated); N38(Deamidated)	4347.02231	0	0.000706558					

	SAECPLESLELDLAHYEVPAPAPSANSYLVYAADNAENPR	3	1	1	AT1G07110.1	C4(Carbamidomethyl); N26(Deamidated); N35(Deamidated)	4346.03171	0	6.69301E-05			
	AASIWTSTLQR	8	1	1	AT1G07110.1		1233.65801	0.000087	0.00051109			
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESKSVETLSPFQQK	8	1	1	AT1G07110.1		3618.74631	0.000087	0.000758609			
	NRNTPCIVEEGENR	4	1	1	AT1G07110.1	C6(Carbamidomethyl)	1687.77994	0.000087	0.000572138			
	HLAIVLVGLPARGK	12	1	1	AT1G07110.1		1443.91486	0.000087	0.001747789			
	GLFVDRGVGSPR	24	1	1	AT1G07110.1		1259.68576	0.000141	0.002506312			
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESK	2	1	1	AT1G07110.1	M2(Oxidation)	2390.09941	0.000146	0.000375409			
	SVETLSPFQQK	16	1	1	AT1G07110.1		1263.65947	0.000192	0.003718538			
	SLSASGSFRNDSTPK	16	1	1	AT1G07110.1		1553.75029	0.000192	0.004245482			
	SVETLSPFQQKDGQK	4	1	1	AT1G07110.1		1691.85917	0.000546	0.01605155			
	VEGELTPHVYGSLPLIGSWDPSKALPMQR	1	1	1	AT1G07110.1	Q28(Deamidated)	3178.63662	0.000623	0.008637565			
	LKHGVNMSADFFR	4	1	1	AT1G07110.1		1521.76334	0.000694	0.01750821			
	SLSASGSFRNDSTPKAAQR	10	1	1	AT1G07110.1	S7(Phospho)	2059.95151	0.000701	0.01515878	30	0.7	S(1): 0.8; S(3): 5.9; S(5): 19.3; S(7): 71.1; S(12): 0.8; T(13): 2.1
	ALDEINAGVCDGMTYEEVKK	3	1	1	AT1G07110.1	C10(Carbamidomethyl); M13(Oxidation)	2258.02915	0.000868	0.01513456			
	EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESKSVETLSPFQQK	3	1	1	AT1G07110.1	Q31(Deamidated)	3619.74936	0.002047	0.0558434			
	NRNTPCIVEEGENRLLTGGSLQGDAR	3	1	1	AT1G07110.1	N3(Deamidated); C6(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	2858.36927	0.117433	0.8512305			
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	38.77	1	8		59	1403					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	32	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C18(Carbamidomethyl)	3377.77768	0	1.46677E-09			
	AQVPGTTQDHLQIFNIEAK	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2110.08428	0	5.41072E-06			
	SQALEAHAASFAQFKVPGNENPSILISFASK	76	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3259.66880	0	2.90695E-09			
	RGNLPGAENLVVQRFQELFAQTK	64	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2615.40420	0	2.79546E-08			
	GKLNSYESLELSR	44	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1495.77312	0	3.53774E-05			
	RGQCDEELINVTNKNSLFK	64	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C4(Carbamidomethyl)	2265.12210	0	2.05021E-07			
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	76	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2661.43412	0	8.12615E-06			
	QLIDQVVSTALPESK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1627.88872	0	6.13866E-06			
	DPTLAVVAYR	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1104.60173	0	1.28573E-05			
	RGNLPGAENLVVQR	40	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1522.84197	0	1.69892E-05			
	ILALKAQVPGTTQDHLQIFNIEAK	68	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2648.47629	0	6.72252E-09			
	LIKPYMVAVQSNNVSAVNEALNEIYAEEEDYDRLR	8	1	1	AT3G11130.1		4056.00503	0	1.6194E-05			
	TANLANNQIINYK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1476.77873	0	4.61816E-06			
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	28	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3373.80320	0	1.46766E-05			
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2286.16220	0	3.78668E-06			
	LHVIELGAQPGKPSFTKK	48	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1950.11551	0	1.10899E-05			
	GNMQLFSVDQQR	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M3(Oxidation)	1438.67302	0	2.3433E-06			
	EAAELAAESPQGILR	32	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1554.81230	0	0.000447666			
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3180.60146	0	1.04421E-05			
	MLGLVTQTSVYHWSIEGDSEPVKMFDR	8	1	1	AT3G11130.1		3125.50942	0	5.83446E-06			
	IIIDSNNNPEHFLTTNPYYDSK	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2595.23142	0	7.18033E-06			
	EAAELAAESPQGILRTPDTVAK	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2267.19065	0	0.000712017			
	ESNFYDAEKTKNFLMEAK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2165.01450	0	6.9845E-06			
	NRLRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3310.78413	0	0.000210771			
	LLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	60	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2771.44472	0	0.00030277			
	YKEAAELAAESPQGILRTPDTVAK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2558.35709	0	7.26819E-05			
	FGFVPDLTHYLYTNNMLR	12	1	1	AT3G11130.1		2201.08298	0	4.98258E-05			
	ATPKVVAAFAER	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1259.70902	0	5.22996E-05			
	FQELFAQTKYK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1402.73545	0	0.00020582			
	WLVLIGIAPGSPERPQLVK	12	1	1	AT3G11130.1		2073.21842	0	5.42871E-05			
	LRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3040.63215	0	7.7015E-06			
	AGLYIQSLKHYSELPDIKR	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2231.21463	0	1.6219E-06			
	GQCDEELINVTNKNSLFK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C3(Carbamidomethyl)	2109.02488	0	0.000169158			
	FGFVPDLTHYLYTNNMLR	7	1	1	AT3G11130.1	M16(Oxidation)	2217.08164	0	9.38351E-07			
	RDPTLAVVAYRR	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1416.80729	0	1.38326E-05			
	YIEGYVQKVNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q20(Deamidated); C26(Carbamidomethyl)	4359.26088	0	5.88774E-08			
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	N2(Deamidated); Q12(Deamidated); C18(Carbamidomethyl)	3379.76841	0	0.000593237			
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	2	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	3181.59463	0	3.55453E-05			
	FQELFAQTKYKEAAELAAESPQGILR	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2938.53872	0	2.23161E-05			
	GNMQLFSVDQQR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1422.67839	0	8.43202E-06			
	SHQMPEQVAFWKWITPK	4	1	1	AT3G11130.1		2113.07334	0	7.36055E-07			
	LHVIELGAQPGKPSFTK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1822.02152	0	2.07982E-05			
	GQCDEELINVTNKNSLFKLQAR	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C3(Carbamidomethyl)	2577.31411	0	0.00021675			
	YIEGYVQKVNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	18	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	N13(Deamidated); Q20(Deamidated); C26(Carbamidomethyl)	4360.26821	0	3.81702E-05			
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q12(Deamidated); C18(Carbamidomethyl)	3378.77634	0	6.64913E-05			
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q14(Deamidated); Q17(Deamidated)	3375.79282	0	0.000690166			
	VPGNENPSILISFASK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1672.88896	0	0.000175684			
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	5	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M26(Oxidation)	3196.59682	0	7.10127E-06			
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q9(Deamidated)	3374.79233	0	0.000340093			
	EGLVSDAIESFIR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1435.74370	0	3.26859E-08			
	MLGLVTQTSVYHWSIEGDSEPVKMFDR	2	1	1	AT3G11130.1	M1(Oxidation); M24(Oxidation)	3157.48867	0	2.46662E-05			
	NRLRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q19(Deamidated)	3311.78175	0	0.000413924			
	FQELFAQTK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1111.57756	0.000087	0.001083065			
	TGQIKEVERVTR	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1415.79489	0.000087	0.000166266			
	VTRESNFYDAEKTK	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1687.82993	0.000087	0.000730849			
	NLLENWLAEDKLECSEELGDLVK	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C14(Carbamidomethyl)	2717.33677	0.000087	0.003749494			
	EVLTLPSVGIGQQFITFTNVTMESDKYCVR	3	1	1	AT3G11130.1	Q12(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	3546.78843	0.0001	0.00222259			
	TANLANNQIINYKCSPNEKWLVLIGIAPGSPERPQLVK	7	1	1	AT3G11130.1	C14(Carbamidomethyl); N17(Deamidated)	4247.27338	0.0001	0.000209661			
	ESNFYDAEKTKNFLMEAK	2	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M15(Oxidation)	2181.01480	0.000153	0.001042944			
	RDPTLAVVAYR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1260.70513	0.000164	0.006628509			
	TANLANNQIINYKCSPNEK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C14(Carbamidomethyl)	2192.07657	0.000186	0.000215018			
	VTRESNFYDAEK	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1458.68415	0.000192	0.003683099			
	LLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q15(Deamidated)	2772.44520	0.000209	0.005674128			
	HYSELPDIKR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1257.65668	0.00023	0.000819733			
	RGNLPGAENLVVQRFQELFAQTK	5	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	2616.40737	0.000239	0.002097027			
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q10(Deamidated)	2662.43698	0.000503	0.03059239			
	LIKPYMVAVQSNNVSAVNEALNEIYAEEEDYDRLR	10	1	1	AT3G11130.1	N13(Deamidated); N22(Deamidated)	4057.99550	0.000551	0.002716163			
	AAANAPIIMK	1	1	1	AT3G11130.1	N-Term(Acetyl)	1041.57610	0.000705	0.01088955			
	SQALEAHAASFAQFK	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1605.80179	0.000787	0.01035713			
	EYSGKVDELIK	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Y2(Phospho)	1360.63437	0.000811	0.04561926	49	1.0	Y(2): 99.7; S(3): 0.3
	LIKPYMVAVQSNNVSAVNEALNEIYAEEEDYDRLR	10	1	1	AT3G11130.1	Q10(Deamidated); N13(Deamidated); N18(Deamidated)	4058.97304	0.000967	0.05317389			
	LQQFQGAVDAAR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1303.67253	0.001443	0.04405473			
	ILALKAQVPGTTQDHLQIFNIEAK	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q17(Deamidated)	2649.45302	0.002015	0.05763231			
	IEKHELVEMRR	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M9(Oxidation)	1455.77085	0.002715	0.06008166			
	DPTLAVVAYRR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1260.70671	0.004067	0.08425122			
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTRGKLNSYESLELSR	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	4139.20278	0.041076	0.4961238			
	SQALEAHAASFAQFKVPGNENPSILISFASK	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q2(Deamidated)	3260.66030	0.0429	0.4865083			

	VLEINLVTFPNVADAILANGMFSHYDRPR	1	1	1	AT3G11130.1	M21(Oxidation)	3288.69253						
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	37.82	1	7		59	1362						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	32	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C18(Carbamidomethyl)	3377.77768	0	1.46677E-09				
	AQVPGTTQDHLQIFNIEAK	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2110.08428	0	5.41072E-06				
	SQALEAHAASFAQFKVPGNENPSILISFASK	76	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3259.66880	0	2.90695E-09				
	RGNLPGAENLVVQRFQELFAQTK	64	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2615.40420	0	2.79546E-08				
	GKLNSYESLELSR	44	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1495.77312	0	3.53774E-05				
	RGQCDEELINVTNKNSLFK	64	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C4(Carbamidomethyl)	2265.12210	0	2.05021E-07				
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	76	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2661.43412	0	8.12615E-06				
	QLIDQVVSTALPESK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1627.88872	0	6.13866E-06				
	DPTLAVVAYR	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1104.60173	0	1.28573E-05				
	RGNLPGAENLVVQR	40	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1522.84197	0	1.69892E-05				
	ILALKAQVPGTTQDHLQIFNIEAK	68	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2648.47629	0	6.72252E-09				
	TANLANNQIINYK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1476.77873	0	4.61816E-06				
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	28	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3373.80320	0	1.46766E-05				
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2286.16220	0	3.78668E-06				
	LHVIELGAQPGKPSFTKK	48	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1950.11551	0	1.10899E-05				
	GNMQLFSVDQQR	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M3(Oxidation)	1438.67302	0	2.3433E-06				
	EAAELAAESPQGILR	32	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1554.81230	0	0.000447666				
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3180.60146	0	1.04421E-05				
	IIIDSNNNPEHFLTTNPYYDSK	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2595.23142	0	7.18033E-06				
	EAAELAAESPQGILRTPDTVAK	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2267.19065	0	0.000712017				
	ESNFYDAEKTKNFLMEAK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2165.01450	0	6.9845E-06				
	NRLRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3310.78413	0	0.000210771				
	LLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	60	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2771.44472	0	0.00030277				
	YKEAAELAAESPQGILRTPDTVAK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2558.35709	0	7.26819E-05				
	ATPKVVAAFAER	20	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1259.70902	0	5.22996E-05				
	FQELFAQTKYK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1402.73545	0	0.00020582				
	LRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		3040.63215	0	7.7015E-06				
	AGLYIQSLKHYSELPDIKR	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2231.21463	0	1.6219E-06				
	GQCDEELINVTNKNSLFK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C3(Carbamidomethyl)	2109.02488	0	0.00016915 8				
	RDPTLAVVAYRR	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1416.80729	0	1.38326E-05				
	YIEGYVQKVNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q20(Deamidated); C26(Carbamidomethyl)	4359.26088	0	5.88774E-08				
	MLGLVTQNSVYHWSIEGDSEPVKMFDR	4	1	1	AT3G08530.1	N8(Deamidated)	3139.48166	0	4.40907E-07				
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	N2(Deamidated); Q12(Deamidated); C18(Carbamidomethyl)	3379.76841	0	0.000593237				
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	2	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	3181.59463	0	3.55453E-05				
	MLGLVTQNSVYHWSIEGDSEPVKMFDR	8	1	1	AT3G08530.1		3138.49802	0	7.75099E-09				
	FQELFAQTKYKEAAELAAESPQGILR	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		2938.53872	0	2.23161E-05				
	GNMQLFSVDQQR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1422.67839	0	8.43202E-06				
	SHQMPEQVVFWKWITPK	4	1	1	AT3G08530.1		2141.10312	0	2.85493E-05				
	LHVIELGAQPGKPSFTK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1822.02152	0	2.07982E-05				
	GQCDEELINVTNKNSLFKLQAR	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C3(Carbamidomethyl)	2577.31411	0	0.00021675				
	YIEGYVQKVNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	18	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	N13(Deamidated); Q20(Deamidated); C26(Carbamidomethyl)	4360.26821	0	3.81702E-05				
	VNPGNAPLVVGQLLDDECPEDFIKGLILSVR	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q12(Deamidated); C18(Carbamidomethyl)	3378.77634	0	6.64913E-05				
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q14(Deamidated); Q17(Deamidated)	3375.79282	0	0.000690166				
	VPGNENPSILISFASK	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1672.88896	0	0.000175684				
	ESIDLHDSFDQIGLAQKIEKHELVEMR	5	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M26(Oxidation)	3196.59682	0	7.10127E-06				
	FSFVPDLTHYLYTNNMLR	5	1	1	AT3G08530.1	M16(Oxidation)	2247.08603	0	5.30605E-07				
	TPDTVAKFQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q9(Deamidated)	3374.79233	0	0.000340093				
	MLGLVTQNSVYHWSIEGDSEPVKMFDR	4	1	1	AT3G08530.1	M1(Oxidation); M24(Oxidation)	3170.47629	0	2.63891E-06				
	EGLVSDAIESFIR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1435.74370	0	3.26859E-08				
	NRLRLLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q19(Deamidated)	3311.78175	0	0.000413924				
	FQELFAQTK	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1111.57756	0.000087	0.001083065				
	TGQIKEVERVTR	36	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1415.79489	0.000087	0.000166266				
	VTRESNFYDAEKTK	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1687.82993	0.000087	0.000730849				
	NLLENWLAEDKLECSEELGDLVK	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C14(Carbamidomethyl)	2717.33677	0.000087	0.003749494				
	ESNFYDAEKTKNFLMEAK	2	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M15(Oxidation)	2181.01480	0.000153	0.001042944				
	RDPTLAVVAYR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1260.70513	0.000164	0.006628509				
	TANLANNQIINYKCSPNEK	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	C14(Carbamidomethyl)	2192.07657	0.000186	0.000215018				
	VTRESNFYDAEK	12	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1458.68415	0.000192	0.003683099				
	LLTQFLEHLVSEGSQDVHVHNALGK	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q15(Deamidated)	2772.44520	0.000209	0.005674128				
	HYSELPDIKR	8	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1257.65668	0.00023	0.000819733				
	RGNLPGAENLVVQRFQELFAQTK	5	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	2616.40737	0.000239	0.002097027				
	LIKPYMIAVQSNNVSAVNEALNEIYVEEEDYDRLR	5	1	1	AT3G08530.1	N22(Deamidated)	4099.01235	0.000251	0.001701691				
	QQLVKGNMQLFSVDQQR	2	1	1	AT3G08530.1	M8(Oxidation)	2035.03781	0.000254	0.00181634				
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTR	16	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q10(Deamidated)	2662.43698	0.000503	0.03059239				
	SQALEAHAASFAQFK	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1605.80179	0.000787	0.01035713				
	EYSGKVDELIK	6	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Y2(Phospho)	1360.63437	0.000811	0.04561926	49	1.0	Y(2): 99.7; S(3): 0.3	
	LQQFQGAVDAAR	4	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1303.67253	0.001443	0.04405473				
	EVLTLPSIGINQQFITFTNVTMESDKYICVR	6	1	1	AT3G08530.1	N11(Deamidated); N19(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	3618.82871	0.002012	0.04304081				
	ILALKAQVPGTTQDHLQIFNIEAK	3	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q17(Deamidated)	2649.45302	0.002015	0.05763231				
	VLEINLVTFPNVADAVLANGMFTHYDRPR	1	1	1	AT3G08530.1	M21(Oxidation)	3288.69253	0.002069	0.04533604				
	IEKHELVEMRR	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	M9(Oxidation)	1455.77085	0.002715	0.06008166				
	DPTLAVVAYRR	24	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1		1260.70671	0.004067	0.08425122				
	FQSVPVQAGQTPPLLQYFGTLLTRGKLNSYESLELSR	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q16(Deamidated)	4139.20278	0.041076	0.4961238				
	SQALEAHAASFAQFKVPGNENPSILISFASK	1	2	2	AT3G11130.1;AT3G08530.1	Q2(Deamidated)	3260.66030	0.0429	0.4865083				
	QQLVKGNMQLFSVDQQRSQALEAHAASFAQFK	4	1	1	AT3G08530.1		3605.81289	0.105263	0.8044227				
	IAQLCEKAGLYIQSLKHYSELPDIK	1	1	1	AT3G08530.1	C5(Carbamidomethyl); Y11(Phospho); Y18(Phospho); S19(Phospho)	3157.46958	0.733024	1	0	0.3	Y(11): 75.0; S(14): 75.0; Y(18): 75.0; S(19): 75.0	
ATMG00285.1	NADH dehydrogenase 2A	2.20	1	1		1	2						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KSEFSTEAGSK	2	1	1	ATMG00285.1	T6(Phospho)	1250.52198	0.001809	0.09635145	66	0.9	S(2): 0.0; S(5): 9.0; T(6): 91.0; S(10): 0.0	
ATSG19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	30.13	2	6		6	59						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TGPDDLISTLLSKVANSDGGVTLSPEQHKEVAQVAGELQK	6	2	1	AT5G19940.1	N16(Deamidated); Q33(Deamidated)	4134.12514	0	1.33004E-05				
	TGPDDLISTLLSK	20	2	1	AT5G19940.1		1359.73442	0	2.73735E-07				
	TGPDDLISTLLSKVANSDGGVTLSPEQHK	12	2	1	AT5G19940.1		2979.52212	0	8.08836E-05				
	EVAQVAGELQK	16	2	1	AT5G19940.1		1171.63371	0.000087	0.002532386				
	AATASSLTIASSFSEPRTQIHSSRR	1	2	1	AT5G19940.1	T8(Phospho); S11(Phospho)	2821.29713	0.00203	0.1081911	13	0.1	T(3): 13.1; S(5): 23.4; S(6): 40.6; T(8): 40.6; S(11): 24.9; S(12): 18.9; S(14): 13.6; T(18): 13.6; S(22): 5.7; S(23): 5.7	
	GSLFVFR	4	1	1	AT5G19940.1		825.46367	0.005647	0.1128928				
ATSG63000.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit T	19.90	1	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	LAGNPNWGTATVVGVFAGLLYGGSKEASASVSKDAEVMLK	3	1	1	AT5G63000.1	T9(Phospho)	4075.00610	0.002108	0.01678599	10	0.4	T(9): 44.4; T(11): 19.4; Y(21): 10.2; S(24): 6.5; S(28): 6.5; S(30): 6.5; S(32): 6.5	
AT1G20620.1	catalase 3	90.65	4	41		53	1570						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	

	GFFEVTHDISNLTCADFLR	64	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C14(Carbamidomethyl)	2242.05181	0	1.50874E-05						
	YRPSSAYNAPFYTTNGGAPVSNNISSLTIGER	44	3	1	AT1G20620.1		3404.65647	0	3.65186E-11						
	GIWISYWSQADR	8	2	1	AT1G20620.1		1481.71794	0	4.29548E-07						
	VPTPTNSYTGIR	28	4	1	AT1G20620.1		1305.67754	0	5.17742E-05						
	CAEKVPTPTNSYTGIRTK	32	4	1	AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl)	2023.02298	0	2.18961E-08						
	EGNFDLVGNNTPVFFIR	80	4	1	AT1G20620.1		1938.97148	0	8.80231E-07						
	GPVLLEDYHLIEK	60	3	1	AT1G20620.1		1525.82463	0	1.19525E-07						
	GFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	64	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C14(Carbamidomethyl)	3359.72422	0	1.94519E-08						
	LGPNYLQLPVNAPK	24	7	3	AT1G20630.1;AT4G35090.1;AT1G20620.1		1523.85796	0	5.23893E-07						
	APGVQTPVIVR	16	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1		1136.67742	0	0.001299509						
	DLHDAIASGNYPEWK	12	4	1	AT1G20620.1		1715.80156	0	7.41466E-07						
	HRLGPNYLQLPVNAPK	60	7	3	AT1G20630.1;AT4G35090.1;AT1G20620.1		1817.01518	0	6.52278E-07						
	LFIQTMDPADEDK	6	4	1	AT1G20620.1	M6(Oxidation)	1538.70305	0	1.53838E-07						
	DEEINYYPSKFDPVR	64	4	1	AT1G20620.1		1871.87932	0	0.002105082						
	VPTPTNSYTGIRTK	36	4	1	AT1G20620.1		1534.82244	0	8.70897E-06						
	WVEILSEPR	24	3	1	AT1G20620.1		1128.60356	0	8.79149E-05						
	CAEKVPTPTNSYTGIR	76	4	1	AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl)	1793.88352	0	0.000762509						
	CAHNNNHHEGFMNFMHR	32	6	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl)	2175.88858	0	8.12158E-06						
	GPVLLEDYHLIEKVANFTR	64	3	1	AT1G20620.1		2214.19205	0	2.81388E-06						
	LFIQTMDPADEDK	8	4	1	AT1G20620.1		1522.70976	0	5.1478E-06						
	LFIQTMDPADEDKFDFDPLDVTK	16	4	1	AT1G20620.1		2700.26932	0	1.77184E-05						
	LASRLNVRPSI	24	4	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1		1225.73709	0	0.001231074						
	APGVQTPVIVRFSTVVHER	8	3	1	AT1G20620.1		2092.16445	0	0.000577401						
	CAHNNNHHEGFMNFMHR	20	6	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl); M15(Oxidation)	2191.88320	0	2.62958E-06						
	LTHEIRGIWISYWSQADR	20	2	1	AT1G20620.1		2231.13442	0	3.055E-05						
	DEEINYYPSKFDPVRCAEK	48	4	1	AT1G20620.1	C16(Carbamidomethyl)	2360.09067	0	0.00147148						
	SGKVLFVKFHWKPTCGIK	36	4	1	AT1G20620.1	C15(Carbamidomethyl)	2132.18198	0	2.02589E-08						
	GISAKGFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	64	3	1	AT1G20620.1	C19(Carbamidomethyl)	3815.97695	0	1.92646E-08						
	CAHNNNHHEGFMNFMHR	33	6	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl); M12(Oxidation); M15(Oxidation)	2207.87783	0	4.18657E-05						
	ERIPERVVHAR	36	6	3	AT1G20630.1;AT4G35090.1;AT1G20620.1		1361.77402	0	0.000188935						
	LFIQTMDPADEDKFDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGR	8	4	1	AT1G20620.1		4314.16079	0	3.13359E-06						
	FDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGR	8	5	2	AT1G20630.1;AT1G20620.1		2810.48508	0	1.24376E-05						
	GISAKGFFEVTHDISNLTCADFLR	24	3	1	AT1G20620.1	C19(Carbamidomethyl)	2698.32827	0	7.63415E-05						
	VVGGANHSHATKDLHDAIASGNYPEWK	12	4	1	AT1G20620.1		2874.38906	0	0.000114074						
	MDPYKYRPSSAYNAPFYTTNGGAPVSNNISSLTIGER	11	3	1	AT1G20620.1	N-Term(Acetyl)	4080.91660	0	1.10052E-05						
	TIDNFFNETEQLAFNPGLVVPGIYYSDDKLLQCR	15	4	1	AT1G20620.1	N15(Deamidated); C33(Carbamidomethyl)	3977.90476	0	9.18216E-07						
	CAHNNNHHEGFMNFMHR	12	6	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl); N5(Deamidated)	2176.87513	0	6.11984E-05						
	EGNFDLVGNTPVFFIRDGIQFPDVVHALKPNPK	19	4	1	AT1G20620.1	Q21(Deamidated)	3795.95107	0	0.000162135						
	LFIQTMDPADEDKFDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGR	2	4	1	AT1G20620.1	M6(Oxidation)	4330.14760	0	5.64155E-06						
	FDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGRLVLNR	4	4	1	AT1G20620.1		3405.85830	0	0.000154616						
	CAEKVPTPTNSYTGIRTK	2	4	1	AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl); N10(Deamidated)	2024.00882	0	0.001303419						
	GFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	4	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	C14(Carbamidomethyl); Q24(Deamidated)	3360.71042	0	2.17219E-07						
	GISAKGFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	4	3	1	AT1G20620.1	C19(Carbamidomethyl); Q29(Deamidated)	3816.98208	0	1.24729E-05						
	GFFEVTHDISNLTCADFLR	1	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	N11(Deamidated); C14(Carbamidomethyl)	2243.05913	0	0.001011857						
	HMEGFGVHTYTLIAK	2	4	1	AT1G20620.1	M2(Oxidation)	1719.84958	0	0.000228111						
	EGNFDLVGNNTPVFFIRDGIQFPDVVHALKPNPK	8	4	1	AT1G20620.1		3794.98794	0	0.000340313						
	FYTREGNFDLVGNNTPVFFIR	4	4	1	AT1G20620.1		2506.25296	0	0.000618888						
	YRPSSAYNAPFYTTNGGAPVSNNISSLTIGER	4	3	1	AT1G20620.1	N8(Deamidated)	3405.65439	0	3.25187E-08						
	GFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	1	5	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1	N11(Deamidated); C14(Carbamidomethyl); Q24(Deamidated)	3361.70652	0	5.39807E-05						
	GISAKGFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVR	1	3	1	AT1G20620.1	N16(Deamidated); C19(Carbamidomethyl); Q29(Deamidated)	3817.97671	0	2.28775E-07						
	FVKRWVEILSEPR	36	3	1	AT1G20620.1		1658.93753	0.000087	0.00175108						
	CVIKKENNFK	24	3	1	AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl)	1279.68253	0.000087	0.000764672						
	ENNFKQAGDRYR	44	3	1	AT1G20620.1		1497.71628	0.000087	0.000978418						
	IFAYGDTQR	12	4	1	AT1G20620.1		1070.52605	0.000087	0.001600529						
	TNIQEYWR	4	4	1	AT1G20620.1		1109.53618	0.000087	0.001854375						
	GFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVRFSTVVHER	1	3	1	AT1G20620.1	N11(Deamidated); C14(Carbamidomethyl); Q24(Deamidated)	4317.19678	0.0001	0.000214163						
	GFFEVTHDISNLTCADFLRAPGVQTPVIVRFSTVVHER	2	3	1	AT1G20620.1	C14(Carbamidomethyl); Q24(Deamidated)	4316.18543	0.0001	0.000212223						
	FDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGRLVLNR	2	4	1	AT1G20620.1	Q20(Deamidated)	3406.85195	0.0001	0.001772245						
	FSTVVHER	20	3	1	AT1G20620.1		974.50420	0.000113	0.000398104						
	DGIQFPDVVHALKPNPK	48	4	1	AT1G20620.1		1875.01078	0.000113	0.00039823						
	DIRGFAVKFYTR	32	4	1	AT1G20620.1		1472.80066	0.000146	0.003225942						
	IFAYGDTQRHRLGPNYLQLPVNAPK	24	4	1	AT1G20620.1		2868.52491	0.000164	0.007962858						
	LFIQTMDPADEDKFDFDPLDVTKIWPEDILPLQPVGR	4	4	1	AT1G20620.1	Q33(Deamidated)	4315.16811	0.000196	0.005979785						
	SLGQKLASRLNVRPSI	8	3	2	AT4G35090.1;AT1G20620.1		1739.02494	0.000355	0.01633836						
	FHWKPTCGIK	8	5	2	AT1G20630.1;AT1G20620.1	C7(Carbamidomethyl)	1273.65049	0.00043	0.005447922						
	LFIQTMDPADEDK	1	4	1	AT1G20620.1	Q4(Deamidated)	1523.68596	0.000481	0.002388751						
	EGNFDLVGNNTPVFFIR	3	4	1	AT1G20620.1	N9(Deamidated)	1939.94695	0.000564	0.0211002						
	FSTVVHERASPETMR	1	3	1	AT1G20620.1	M14(Oxidation)	1762.84787	0.000581	0.00539388						
	SGKVLFVK	4	4	1	AT1G20620.1		877.55004	0.000701	0.01470118						
	EGNFDLVGNNTPVFFIR	3	4	1	AT1G20620.1	N3(Deamidated); N9(Deamidated)	1940.94682	0.000896	0.0123139						
	LFIQTMDPADEDKFDFDPLDVTK	1	4	1	AT1G20620.1	Q4(Deamidated)	2701.27567	0.000985	0.01312323						
	MDPYKYRPSSAYNAPFYTTNGGAPVSNNISSLTIGER	14	3	1	AT1G20620.1	S10(Phospho)	4118.89516	0.002241	0.04873965	47	0.2	Y(4): 2.0; Y(6): 2.0; S(9): 15.6; S(10): 15.6; Y(12): 15.6; Y(17): 15.6; T(18): 15.6; T(19): 15.6; S(26): 2.0; S(30): 0.3; S(31): 0.1; T(33): 0.0			
	CAEKVPTPTNSYTGIR	4	4	1	AT1G20620.1	C1(Carbamidomethyl); N10(Deamidated)	1794.86606	0.002323	0.08034256						
	GIWISYWSQADRSLGQK	4	2	1	AT1G20620.1		1995.00272	0.002427	0.07136915						
	ENNFKQAGDRYR	3	3	1	AT1G20620.1	N2(Deamidated)	1498.70157	0.004003	0.09912803						
	EGNFDLVGNNTPVFFIRDGIQFPDVVHALKPNPK	2	4	1	AT1G20620.1	N3(Deamidated); N32(Deamidated)	3796.95722	0.075905	0.6637333						
	DIRGFAVK	8	4	1	AT1G20620.1		905.52062	0.11049	0.9498492						
AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thaliana protein match i	67.66	1	18	20		505								
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**			
	LSYEQFGAFLGNVK	24	1	1	AT4G15545.1		1572.80400	0	3.4191E-06						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARK	32	1	1	AT4G15545.1		2871.46964	0	5.90651E-07						
	SRLSYEQFGAFLGNVK	36	1	1	AT4G15545.1		1815.93779	0	1.48934E-07						
	ENLIRENASLSNTVKR	20	1	1	AT4G15545.1		1843.99930	0	0.000650436						
	TRVDGKEFFR	28	1	1	AT4G15545.1		1254.65860	0	0.000255269						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVAR	84	1	1	AT4G15545.1		2743.37894	0	0.000836269						
	KAEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	32	1	1	AT4G15545.1		2655.37490	0	3.08408E-06						
	GMFDDTRSSISIEPGSQTAR	12	1	1	AT4G15545.1		2242.03873	0	7.00061E-05						
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	28	1	1	AT4G15545.1		2527.27915	0	0.00233344						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARKITSIALSTR	40	1	1	AT4G15545.1		3814.01657	0	9.57674E-06						
	SEIEEEEEEGSASAITGSR	9	1	1	AT4G15545.1	N-Term(Acetyl)	2051.88701	0	1.62312E-12						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARK	6	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated)	2872.46811	0	0.000106453						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARKITSIALSTR	15	1	1	AT4G15545.1	Q19(Deamidated)	3815.02109	0	0.000192061						
	SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVARKITSIALSTR	4	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated); Q19(Deamidated)	3816.00510	0	1.5882E-05						
	KITSIALSTR	16	1	1	AT4G15545.1		1089.66179	0	8.81571E-05						
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITRNAH	28	1	1	AT4G15545.1		2849.42044	0	9.87154E-05						

	GMFDDTRSSISISEPGSQTAR	3	1	1	AT4G15545.1	M2(Oxidation)	2258.03171	0	7.86989E-05				
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITRNAH	4	1	1	AT4G15545.1	N9(Deamidated)	2850.40445	0	0.000765123				
	SSISISEPGSQTAR	24	1	1	AT4G15545.1		1419.70781	0.000087	0.002145645				
	AEEIFGGDNRDLYVIFEGLITR	1	1	1	AT4G15545.1	N9(Deamidated)	2528.27506	0.000209	0.003804342				
	RHSVSFATTR	24	1	1	AT4G15545.1		1161.60918	0.00026	0.000753374				
	ENASLSNTVKRLQR	4	1	1	AT4G15545.1		1615.88449	0.000467	0.003743752				
	SFDLPDELLQLVLPSDPFEQLDVAR	5	1	1	AT4G15545.1	Q10(Deamidated)	2744.35600	0.001327	0.02048551				
	LTPPGSPPILSASGTPK	15	1	1	AT4G15545.1	S6(Phospho)	1699.86125	0.002479	0.1215199	38	1.0	T(2): 1.0; S(6): 96.1; S(11): 1.0; S(13): 1.0; T(15): 1.0	
	SEIEEEEEEGSASAITGSR	1	1	1	AT4G15545.1	S1(Phospho)	2089.83011	0.0036	0.1602179	42	1.0	S(1): 98.3; S(11): 1.3; S(13): 0.4; T(16): 0.0; S(18): 0.0	
	DVSKLEGFRK	4	1	1	AT4G15545.1		1178.64775	0.018687	0.3731505				
	HSSIQSQQASEAIEPAATDNENDAPKPSLSASLPLVSQTTTPR	2	1	1	AT4G15545.1	S2(Phospho); S3(Phospho)	4634.13915	0.505226	1	0	0.0	S(2): 15.8; S(3): 15.8; S(6): 16.3; S(10): 17.0; T(18): 18.1; S(28): 18.1; S(30): 17.1; S(32): 16.4; S(37): 16.3; T(39): 16.3; T(40): 16.3; T(41): 16.3	
	VDGKEFFRQVR	4	1	1	AT4G15545.1		1380.73743						
AT5G45510.2	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	2.31	2	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SGEHAEGEANDSQSGEKKEDTDGEDEIR	3	2	1	AT5G45510.2	T21(Phospho)	3099.21767	0.002641	0.1243743	45	0.8	S(1): 0.0; S(12): 3.2; S(14): 15.3; T(21): 81.4	
AT5G09600.2	succinate dehydrogenase 3-1	16.67	1	1		1	4						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TMQVSPELSGRSKPVVNDILGTGLGTNNAIR	4	1	1	AT5G09600.2	S12(Phospho)	3304.68549	0.002651	0.05597817	11	0.3	T(1): 9.1; S(5): 9.1; S(9): 31.8; S(12): 31.8; T(22): 9.1; T(26): 9.1	
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	25.35	1	11		12	171						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AMDQALKEGIVGEAGPMKR	12	1	1	AT3G45190.1		2001.02176	0	1.18303E-08				
	SPPVPSLFGKDVEFVGVEPEGTER	28	1	1	AT3G45190.1		2572.29526	0	7.53167E-05				
	MPDVRIPNGSSSSEGEISPR	8	1	1	AT3G45190.1		2115.00913	0	1.10147E-07				
	AMDQALKEGIVGEAGPMKR	3	1	1	AT3G45190.1	M2(Oxidation)	2017.02390	0	3.91788E-06				
	DVEFVGVEPEGTER	16	1	1	AT3G45190.1		1562.73381	0	0.000774762				
	NDSSSAIAPGSTDDVKMPDVRIPNGSSSSEGEISPR	12	1	1	AT3G45190.1		3659.69375	0	4.40907E-05				
	ISNKLVQLSTNSNQIK	36	1	1	AT3G45190.1		1786.99663	0	3.26802E-05				
	TLLEENNDWGEWEANTLHDR	8	1	1	AT3G45190.1		2442.09427	0	5.29513E-06				
	NTTTASPGKESPDDSMQEYNDTNYWKVDQEVTVVE	5	1	1	AT3G45190.1	Q17(Deamidated)	3978.74448	0	5.06945E-05				
	AMDQALKEGIVGEAGPMKR	7	1	1	AT3G45190.1	M2(Oxidation); M17(Oxidation)	2033.01413	0	2.58036E-09				
	TEKQPILSGDKQPTLAAAGK	12	1	1	AT3G45190.1		2053.12612	0	3.66386E-05				
	EGIVGEAGPMKR	12	1	1	AT3G45190.1		1243.64153	0.000087	0.004311487				
	SPPVPSLFGKDVEFVGVEPEGTERAMDQALK	1	1	1	AT3G45190.1	M26(Oxidation)	3345.66909	0.000146	0.003280553				
	EGIVGEAGPMKR	6	1	1	AT3G45190.1	M10(Oxidation)	1259.64045	0.000846	0.01673152				
	SPPVPSLFGKDVEFVGVEPEGTER	4	1	1	AT3G45190.1	S1(Phospho)	2652.25083	0.002772	0.09919538	68	0.9	S(1): 90.3; S(6): 9.7; T(22): 0.0	
	IFGHAFEDPQSKSSLVHTLSVCISLLSPRR	1	1	1	AT3G45190.1	C22(Carbamidomethyl); S24(Phospho); S27(Phospho)	3541.68287	0.339596	1	6	0.1	S(11): 20.3; S(13): 20.3; S(14): 20.3; T(18): 33.0; S(20): 28.8; S(24): 38.7; S(27): 38.7	
AT1G76850.1	exocyst complex component sec5	15.50	1	9		10	121						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KPVANLVQQPR	32	1	1	AT1G76850.1		1249.73650	0	0.000743653				
	DLTYQKPPSSSARKPVANLVQQPR	40	1	1	AT1G76850.1		2680.44863	0	6.49806E-05				
	IHQDTTAADLEAGALGLKSDLKGR	12	1	1	AT1G76850.1		2480.31338	0.000087	0.001750606				
	TRVNTACFAESAPLESTPPLPK	12	1	1	AT1G76850.1	C7(Carbamidomethyl)	2386.20700	0.000153	0.000634774				
	TRVNTACFAESAPLESTPPLPK	1	1	1	AT1G76850.1	N4(Deamidated); C7(Carbamidomethyl)	2387.19962	0.000209	0.00290599				
	ANLAFEPLFER	4	1	1	AT1G76850.1		1306.67888	0.000254	0.001932506				
	LVYFSDHFDPKLFLSR	4	1	1	AT1G76850.1		1984.02956	0.000503	0.03463876				
	LITESSGSPSKAEKVDNTLR	2	1	1	AT1G76850.1	S8(Phospho)	2212.07865	0.003302	0.07396674	27	0.7	T(3): 1.6; S(5): 4.9; S(6): 4.9; S(8): 70.8; S(10): 17.2; T(18): 0.6	
	ESRTAPVVQKVEGK	4	1	1	AT1G76850.1		1527.84464	0.00471	0.1052505				
	EIGGSSGGAGRGRGSDVR	8	1	1	AT1G76850.1		1674.82175	0.008639	0.2100558				
	SSQVTDTSANKAEEKVTEAR	2	1	1	AT1G76850.1	T7(Phospho); T17(Phospho)	2310.98867			29	0.7	S(1): 3.5; S(2): 3.5; T(5): 14.4; T(7): 77.1; S(8): 17.7; T(17): 84.0	
AT1G16630.1	unknown protein; LOCATED IN: chloroplast; BEST Arabidops	4.50	1	1		2	11						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SNDSGESMASSASEYSIGSVSYGSFTTYEK	8	1	1	AT1G16630.1	S1(Phospho); S4(Phospho); S7(Phospho); S10(Phospho); S11(Phospho); S13(Phospho); S	3927.97620	0.00369	0.08827657			Too many isoforms	
	DQIANVVK	3	1	1	AT1G16630.1	Q2(Deamidated); N5(Deamidated)	888.46800						
AT3G18780.2	actin 2	85.94	2	2		41	925						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	24	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2187.07060	0	2.37558E-09				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl)	3073.50913	0	2.36152E-08				
	NYELPDGQVITIGAER	52	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1774.89458	0	7.42647E-10				
	DLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	13	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M14(Oxidation)	2203.07378	0	3.93119E-09				
	LSFVAVDYEQEMETSK	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1875.86247	0	2.27746E-07				
	TSSSIEKNYELPDGQVITIGAER	56	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2507.25469	0	1.05742E-07				
	MSKEITALAPSSMK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1493.76836	0	4.94304E-08				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl)	3459.64157	0	3.59858E-09				
	RGILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2700.37516	0	3.84717E-10				
	IAPEEHPVLLTEAPLNPK	104	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1968.08183	0	2.50724E-07				
	AGFAGDDAPR	20	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		976.44713	0	1.37491E-05				
	CPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl)	3156.47458	0	1.51917E-07				
	MSKEITALAPSSMK	7	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation)	1509.76177	0	1.26521E-05				
	DAYVGDEAQSK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1182.52507	0	0.000693526				
	IAPEEHPVLLTEAPLNPKANR	52	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2309.25638	0	0.000124198				
	IWHHTFYNELR	44	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1515.74700	0	2.52186E-05				
	HHGVMVGMNQK	11	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M5(Oxidation)	1253.58652	0	8.6835E-10				
	HHGVMVGMNQK	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1237.58953	0	2.36833E-05				
	TTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGFSLPHAILR	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		3151.63491	0	2.49399E-06				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	6	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); M29(Oxidation)	3475.64345	0	6.83167E-05				
	DAYVGDEAQSKR	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1338.62554	0	7.03191E-06				
	DIKEKLSFVAVDYEQEMETSK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2489.20694	0	6.31332E-05				
	RGILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M21(Oxidation)	2716.37931	0	2.18984E-07				
	YPIEHGVVSNWDDMEK	12	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1918.86382	0	2.65787E-07				
	LDLAGRDLTDYLMKILTER	4	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2236.19455	0	0.000123825				
	MSKEITALAPSSMKIK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1734.94765	0	2.74479E-07				
	GILTLKYPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		4040.99775	0	1.00367E-07				
	AEADDIQPIVCDNGTGMVK	5	2	1	AT3G18780.2	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	2074.93852	0	5.13839E-08				
	AEADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	13	2	1	AT3G18780.2	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	3032.37456	0	3.57125E-05				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl); N12(Deamidated)	3074.49350	0	1.18314E-06				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated); N26(Deamidated)	3461.63344	0	2.85452E-05				
	GILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2544.28324	0	2.21094E-08				
	YPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	12	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		3415.58535	0	1.5478E-10				
	YPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	2	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M14(Oxidation)	3431.58217	0	2.36785E-05				
	MSKEITALAPSSMK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1525.76030	0	1.33244E-07				
	DIKEKLSFVAVDYEQEMETSK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	Q15(Deamidated)	2490.20761	0	2.13521E-05				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); M15(Oxidation); M29(Oxidation)	3491.63808	0	2.67954E-06				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	5	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl); M21(Oxidation)	3089.50210	0	2.13353E-05				
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M16(Oxidation); M19(Oxidation)	2435.25405	0	1.91321E-05				
	IAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2566.39157	0	0.000486637				

	LSFVAVDYEQEMETSK	3	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M12(Oxidation)	1891.85930	0	7.5819E-06				
	IKVVAPPERK	24	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1136.71233	0.000087	0.001408007				
	GYMFTTTAER	8	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1176.53472	0.000087	0.000353784				
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2403.26401	0.000087	0.004404099				
	MSKEITALAPSSMKIK	1	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M13(Oxidation)	1750.94375	0.000099	0.000191896				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	3460.65664	0.0001	0.000290784				
	DAYVGDEAQSKRGILTLK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1964.04489	0.000141	0.002178436				
	AEYDEAGPGIVHRK	20	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1541.76816	0.000164	0.00494487				
	EITALAPSSMKIK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1404.77414	0.000166	0.004857107				
	MSKEITALAPSSMKIK	4	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1766.93589	0.000182	3.66111E-05				
	AVFPSVVGRPR	24	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1184.68913	0.000186	0.000717885				
	EITALAPSSMK	5	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1163.59758	0.000254	0.001055479				
	GYMFTTTAER	4	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1	M3(Oxidation)	1192.52934	0.000254	0.001239835				
	EITALAPSSMK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1147.59978	0.000313	0.008685584				
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M19(Oxidation)	2419.25351	0.000415	0.004010107				
	AEYDEAGPGIVHR	8	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1413.67545	0.000445	0.008632888				
	RGILTLK	24	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		800.53502	0.000458	0.001585265				
	EITALAPSSMKIK	8	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1388.78240	0.001671	0.04777655				
	TSSSIEKNYELPDGQVITIGAER	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	Q15(Deamidated)	2508.25469	0.002519	0.09203809				
	AEADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	2	2	1	AT3G18780.2	C11(Carbamidomethyl); T15(Phospho)	3070.31753	0.00444	0.09388046	45	1.0	T(15): 100.0	
	NYELPDGQVITIGAERFR	16	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		2078.06119	0.020558	0.387749				
	EIVRDIKEK	12	6	4	AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT		1129.65593	0.022162	0.3816489				
	AEYDEAGPGIVHRKCF	4	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C15(Carbamidomethyl)	1848.86716	0.164694	1				
	EKLSFVAVDYEQEMETSKTSSSIEK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2865.37461	0.38745	0.9964755				
AT5G09810.1	actin 7	86.47	4	13		36	747						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	NYELPDGQVITIGAER	52	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1774.89458	0	7.42647E-10				
	DLYGNIVLSGGSTMFPGIADR	15	1	1	AT5G09810.1	M14(Oxidation)	2199.07720	0	3.07129E-09				
	LAYVALDYEQELETAK	20	1	1	AT5G09810.1		1855.93559	0	4.92209E-06				
	DLYGNIVLSGGSTMFPGIADR	28	1	1	AT5G09810.1		2183.07427	0	3.29144E-08				
	MSKEITALAPSSMK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1493.76836	0	4.94304E-08				
	AGFAGDDAPR	20	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		976.44713	0	1.37491E-05				
	MSKEITALAPSSMK	7	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation)	1509.76177	0	1.26521E-05				
	VAPEEHPVLLTEAPLNPK	56	5	1	AT5G09810.1		1954.06218	0	2.98781E-07				
	DAYVGDEAQSK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1182.52507	0	0.000693526				
	IWHHTFYNELR	44	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1515.74700	0	2.52186E-05				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	4	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		2308.06272	0	1.8645E-06				
	SEYDESGPSIVHRK	24	1	1	AT5G09810.1		1603.76641	0	0.000285215				
	TTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILR	20	6	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		3151.63686	0	0.000150444				
	VAPEEHPVLLTEAPLNPKANR	40	4	1	AT5G09810.1		2295.24186	0	6.04712E-07				
	RGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEK	5	2	1	AT5G09810.1	M21(Oxidation)	2730.39687	0	5.72584E-08				
	DAYVGDEAQSKR	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1338.62554	0	7.03191E-06				
	FRCPEVLFQPSLIGMEAPGIHETTYNSIMK	4	1	1	AT5G09810.1	C3(Carbamidomethyl); M15(Oxidation)	3481.69838	0	2.07791E-05				
	RGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEK	8	2	1	AT5G09810.1		2714.39663	0	0.000563077				
	SSSSVEKNYELPDGQVITIGAER	28	1	1	AT5G09810.1		2479.23191	0	7.51133E-05				
	MSKEITALAPSSMKIK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1734.94765	0	2.74479E-07				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	9	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	3018.34403	0	3.15098E-05				
	FRCPEVLFQPSLIGMEAPGIHETTYNSIMK	4	1	1	AT5G09810.1	C3(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated)	3466.69443	0	3.93237E-07				
	FRCPEVLFQPSLIGMEAPGIHETTYNSIMK	4	1	1	AT5G09810.1	C3(Carbamidomethyl)	3465.69814	0	3.55525E-07				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGSTMFPGIADR	8	1	1	AT5G09810.1	C1(Carbamidomethyl)	3069.51139	0	6.74892E-06				
	MSKEITALAPSSMK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1525.76030	0	1.33244E-07				
	FRCPEVLFQPSLIGMEAPGIHETTYNSIMK	8	1	1	AT5G09810.1	C3(Carbamidomethyl); M15(Oxidation); M29(Oxidation)	3497.68471	0	1.77214E-06				
	DIKEKLAYVALDYEQELETAK	8	1	1	AT5G09810.1		2469.27518	0	6.99777E-07				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	5	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M5(Oxidation); M8(Oxidation)	2340.05996	0	0.000247497				
	KDLYGNIVLSGGSTMFPGIADR	3	1	1	AT5G09810.1	M15(Oxidation)	2327.16904	0	1.00628E-07				
	IKVVAPPERK	24	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1136.71233	0.000087	0.001408007				
	GYMFTTTAER	8	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1176.53472	0.000087	0.000353784				
	YPIEHGIVSNWDDMEK	4	2	1	AT5G09810.1		1932.87760	0.000087	0.000202142				
	MSKEITALAPSSMKIK	1	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M13(Oxidation)	1750.94375	0.000099	0.000191896				
	DAYVGDEAQSKRGILTLK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1964.04489	0.000141	0.002178436				
	EITALAPSSMKIK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1404.77414	0.000166	0.004857107				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	3	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M8(Oxidation)	2324.05800	0.000166	0.002026169				
	MSKEITALAPSSMKIK	4	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1766.93589	0.000182	3.66111E-05				
	AVFPSIVGRPR	52	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		1198.70725	0.000249	0.002168325				
	EITALAPSSMK	5	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1163.59758	0.000254	0.001055479				
	GYMFTTTAER	4	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1	M3(Oxidation)	1192.52934	0.000254	0.001239835				
	EITALAPSSMK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1147.59978	0.000313	0.008685584				
	RGILTLK	24	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		800.53502	0.000458	0.001585265				
	HTGVMVGMGQK	11	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M8(Oxidation)	1160.55095	0.000512	0.006979063				
	VAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK	8	4	1	AT5G09810.1		2552.38076	0.000979	0.02274353				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVK	3	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	2060.93120	0.001412	0.03280378				
	EITALAPSSMKIK	8	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1388.78240	0.001671	0.04777655				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	5	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	C11(Carbamidomethyl); T15(Phospho)	3056.32534	0.005154	0.1148702	36	1.0	T(15): 100.0	
	HTGVMVGMGQK	2	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M5(Oxidation); M8(Oxidation)	1176.54643	0.013434	0.2813085				
	YPIEHGIVSNWDDMEK	1	2	1	AT5G09810.1	M14(Oxidation)	1948.86655	0.014325	0.304383				
	NYELPDGQVITIGAERFR	16	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		2078.06119	0.020558	0.387749				
	EIVRDIKEK	12	6	4	AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT		1129.65593	0.022162	0.3816489				
	KYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKSEYDESGPSIVHR	1	1	1	AT5G09810.1	S30(Phospho); S33(Phospho)	4347.01459	0.074127	0.887772	2	0.0	Y(2): 17.7; S(3): 17.7; S(9): 17.9; S(13): 18.0; S(15): 18.0; T(16): 18.0; S(23): 18.0; S(25): 18.4; Y(27): 18.4; S(30): 19.0; S(33): 19.0	
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPR	1	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	C11(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	4156.99948	0.619014	1				
AT2G37620.1	actin 1	69.23	1	7		27	601						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DLYGNIVLSGGTTMFPGIADR	8	3	1	AT2G37620.1		2197.08672	0	3.50169E-06				
	MSKEITALAPSSMK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1493.76836	0	4.94304E-08				
	AGFAGDDAPR	20	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		976.44713	0	1.37491E-05				
	MSKEITALAPSSMK	7	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation)	1509.76177	0	1.26521E-05				
	DAYVGDEAQSK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1182.52507	0	0.000693526				
	IWHHTFYNELR	44	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1515.74700	0	2.52186E-05				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	4	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		2308.06272	0	1.8645E-06				
	TTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILR	20	6	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		3151.63686	0	0.000150444				
	DAYVGDEAQSKR	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1338.62554	0	7.03191E-06				
	TSSSVEKNYELPDGQVITIGSER	48	1	1	AT2G37620.1		2509.23246	0	8.21372E-05				
	MSKEITALAPSSMKIK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1734.94765	0	2.74479E-07				
	VAPEEHPILLTEAPLNPK	92	1	1	AT2G37620.1		1968.07853	0	0.000282282				
	VAPEEHPILLTEAPLNPKANR	36	1	1	AT2G37620.1		2309.25455	0	2.08264E-05				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	9	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	3018.34403	0	3.15098E-05				

	FRCPEVLYQPSMIGMENAGIHETTYNSIMK	3	1	1	AT2G37620.1	C3(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated); N17(Deamidated)	3518.62588	0	0.000933843				
	MSKEITALAPSSMK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1525.76030	0	1.33244E-07				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	5	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M5(Oxidation); M8(Oxidation)	2340.05996	0	0.000247497				
	DLYGNIVLSGGTTMFPGIADR	7	3	1	AT2G37620.1	M14(Oxidation)	2213.08257	0	5.31503E-08				
	IKVVAPPERK	24	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1136.71233	0.000087	0.001408007				
	FRCPEVLYQPSMIGMENAGIHETTYNSIMK	4	1	1	AT2G37620.1	C3(Carbamidomethyl)	3516.63100	0.000087	0.003659987				
	MSKEITALAPSSMKIK	1	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M13(Oxidation)	1750.94375	0.000099	0.000191896				
	DLYGNIVLSGGTTMFPGIADR	1	3	1	AT2G37620.1	N5(Deamidated)	2198.08965	0.0001	0.000652521				
	DAYVGDEAQSKRGILTLK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1964.04489	0.000141	0.002178436				
	EITALAPSSMKIK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1404.77414	0.000166	0.004857107				
	HTGVMVGMGQKDAYVGDEAQSK	3	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M8(Oxidation)	2324.05800	0.000166	0.002026169				
	MSKEITALAPSSMKIK	4	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1766.93589	0.000182	3.66111E-05				
	AVFPSIVGRPR	52	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1		1198.70725	0.000249	0.002168325				
	EITALAPSSMK	5	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1163.59758	0.000254	0.001055479				
	EITALAPSSMK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1147.59978	0.000313	0.008685584				
	RGILTLK	24	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		800.53502	0.000458	0.001585265				
	HTGVMVGMGQK	11	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M8(Oxidation)	1160.55095	0.000512	0.006979063				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVK	3	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	2060.93120	0.001412	0.03280378				
	EITALAPSSMKIK	8	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1388.78240	0.001671	0.04777655				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	5	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	C11(Carbamidomethyl); T15(Phospho)	3056.32534	0.005154	0.1148702	36	1.0	T(15): 100.0	
	TSSSVEKNYELPDGQVITIGSER	2	1	1	AT2G37620.1	Q15(Deamidated)	2510.23807	0.007979	0.1630905				
	HTGVMVGMGQK	2	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	M5(Oxidation); M8(Oxidation)	1176.54643	0.013434	0.2813085				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFPGIADR	4	3	1	AT2G37620.1	C1(Carbamidomethyl)	3083.53193	0.019189	0.3428776				
	VAPEEHPILLTEAPLNPKANREK	4	1	1	AT2G37620.1		2566.39692	0.01977	0.3623482				
	EIVRDIKEK	12	6	4	AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT		1129.65593	0.022162	0.3816489				
	ADGEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPR	1	5	2	AT5G09810.1;AT2G37620.1	C11(Carbamidomethyl); N13(Deamidated)	4156.99948	0.619014	1				
	TTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRLDLAGRDLTDALMK	2	1	1	AT2G37620.1	T2(Phospho)	4744.42762	0.625674	1	1	0.1	T(1): 14.8; T(2): 14.8; S(8): 14.8; S(13): 11.1; T(15): 11.1; Y(19): 11.1; Y(22): 11.1; T(39): 11.1	
AT5G56180.1	actin-related protein 8	5.73	1	1		2		3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TVVLTGGSACLPGLSER	2	1	1	AT5G56180.1	C10(Carbamidomethyl); S15(Phospho)	1796.85564	0.005762	0.1187534	68	1.0	T(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 0.1; S(15): 99.8	
	DAVKLGLTCK	1	1	1	AT5G56180.1	T8(Phospho); C9(Carbamidomethyl)	1184.58061	0.710941	1	27	1.0	T(8): 100.0	
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	18.88	1	12		15		174					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	AESSENMDQYSNGFSLTDHTEDSGNLLLK	12	1	1	AT1G65010.1		3202.39743	0	6.0215E-05				
	EHMIQESPMEAIDKHLMGER	8	1	1	AT1G65010.1		2381.10659	0	5.61331E-07				
	SREHMIQESPMEAIDKHLMGER	8	1	1	AT1G65010.1		2624.23444	0	2.6625E-08				
	MEEPSKHGNSELNSIGKDYDLVQFSEVNGASNGDEK	12	1	1	AT1G65010.1		3924.77016	0	0.000112751				
	AESSENMDQYSNGFSLTDHTEDSGNLLLK	4	1	1	AT1G65010.1	N12(Deamidated)	3203.40232	0	6.06143E-09				
	AESSENMDQYSNGFSLTDHTEDSGNLLLK	2	1	1	AT1G65010.1	M7(Oxidation)	3218.39536	0	8.40229E-09				
	MEEPSKHGNSELNSIGKDYDLVQFSEVNGASNGDEK	8	1	1	AT1G65010.1	M1(Oxidation)	3940.77309	0	8.96466E-06				
	EHMIQESPMEAIDKHLMGER	4	1	1	AT1G65010.1	M3(Oxidation); M9(Oxidation); M17(Oxidation)	2429.08803	0	0.000364726				
	ESEFKMWDSYKIEK	4	1	1	AT1G65010.1		1819.85575	0.000087	0.002690591				
	IEELTNLKQTLIDKQNELQGVFHENEELK	10	1	1	AT1G65010.1	N6(Deamidated); Q19(Deamidated)	3454.78090	0.0001	0.001980997				
	MEEPSKHGNSELNSIGKDYDLVQFSEVNGASNGDEK	3	1	1	AT1G65010.1	Q23(Deamidated)	3925.77772	0.0001	0.002448899				
	MEEPSKHGNSELNSIGK	8	1	1	AT1G65010.1		1856.87954	0.00012	0.000585402				
	MEEPSKHGNSELNSIGK	3	1	1	AT1G65010.1	M1(Oxidation)	1872.87430	0.000149	5.40911E-05				
	AAIHKVAHRVEGER	35	1	1	AT1G65010.1		1572.86643	0.000153	0.001026616				
	LQHIDQEAEELRGR	21	1	1	AT1G65010.1		1693.85703	0.000164	0.005134341				
	DYDLVQFSEVNGASNGDEKTKTDHYQQR	4	1	1	AT1G65010.1	Q6(Deamidated); N15(Deamidated)	3246.45205	0.000209	0.005536136				
	MEEPSKHGNSELNSIGKDYDLVQFSEVNGASNGDEK	10	1	1	AT1G65010.1	N9(Deamidated); N13(Deamidated)	3926.77553	0.000551	0.002771333				
	SEVSPERETELDSVEEEVDSK	6	1	1	AT1G65010.1	T9(Phospho)	2473.04770	0.006286	0.1880014	59	1.0	S(1): 0.3; S(4): 1.0; T(9): 98.7; S(13): 0.1; S(20): 0.0	
	KIEELSKLK	4	1	1	AT1G65010.1		1087.67021	0.032451	0.5718063				
	EVAYLKKIDELSTANGTLADNVTNLQNISEENK	1	1	1	AT1G65010.1	T23(Phospho)	3714.83193	0.671887	1	5	0.3	Y(4): 14.7; S(12): 14.7; T(13): 14.7; T(17): 14.7; T(23): 26.7; S(29): 14.7	
	ADEQIELLKKDK	2	1	1	AT1G65010.1	Q4(Deamidated)	1430.77814						
	IELLEKTIEAQR	5	1	1	AT1G65010.1		1442.81961						
AT4G17470.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	12.66	1	1		1		3					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VRFISVPGGHIEITEEDLVKYVVPYLQNESLFSSEHETI	3	1	1	AT4G17470.1	T14(Phospho); Y21(Phospho); S30(Phospho); S33(Phospho)	4794.14533	0.006739	0.2294481	0	0.0	S(5): 50.2; T(14): 49.9; Y(21): 50.1; Y(25): 49.9; S(30): 50.2; S(33): 50.1; S(34): 49.9; T(38): 49.9	
AT3G55650.1	Pyruvate kinase family protein	7.06	1	1		1		2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	TLGMVSLPLSPIESLAASVVSTAQSVFASAIVVLTK	2	1	1	AT3G55650.1	S29(Phospho); T35(Phospho)	3746.92396	0.006935	0.1494829	7	0.1	T(1): 15.5; S(6): 15.6; S(10): 15.6; S(14): 15.8; S(18): 16.1; S(21): 19.6; T(22): 22.3; S(25): 22.3; S(29): 25.1; T(35): 32.1	
AT1G49240.1	actin 8	85.94	1	1		41		920					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	24	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2187.07060	0	2.3755E-09				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl)	3073.50913	0	2.36152E-08				
	NYELPDGQVITIGAER	52	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1774.89458	0	7.42647E-10				
	DLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	13	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M14(Oxidation)	2203.07378	0	3.93119E-09				
	LSFVAVDYEQEMETSK	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1875.86247	0	2.27746E-07				
	TSSSIEKNYELPDGQVITIGAER	56	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2507.25469	0	1.05742E-07				
	MSKEITALAPSSMK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1493.76836	0	4.94304E-08				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl)	3459.64157	0	3.59858E-09				
	RGILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2700.37516	0	3.84717E-10				
	IAPEEHPVLLTEAPLNPK	104	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1968.08183	0	2.50724E-07				
	AGFAGDDAPR	20	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		976.44713	0	1.37491E-05				
	CPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl)	3156.47458	0	1.51917E-07				
	MSKEITALAPSSMK	7	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation)	1509.76177	0	1.26521E-05				
	DAYVGDEAQSK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1182.52507	0	0.000693526				
	IAPEEHPVLLTEAPLNPKANR	52	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2309.25638	0	0.000124198				
	IWHHTFYNELR	44	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1515.74700	0	2.52186E-05				
	HHGVMVGMNQK	11	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M5(Oxidation)	1253.58652	0	8.6835E-10				
	HHGVMVGMNQK	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1237.58953	0	2.36833E-05				
	TTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGFSLPHAILR	20	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		3151.63491	0	2.49399E-06				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	6	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); M29(Oxidation)	3475.64345	0	6.83167E-05				
	DAYVGDEAQSKR	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1338.62554	0	7.03191E-06				
	DIKEKLSFVAVDYEQEMETSK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2489.20694	0	6.31332E-05				
	RGILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M21(Oxidation)	2716.37931	0	2.18984E-07				
	YPIEHGVVSNWDDMEK	12	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1918.86382	0	2.65787E-07				
	LDLAGRDLTDYLMKILTER	4	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2236.19455	0	0.000123825				
	MSKEITALAPSSMKIK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1734.94765	0	2.74479E-07				
	GILTLKYPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		4040.99775	0	1.00367E-07				
	ADADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	9	1	1	AT1G49240.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	3018.35099	0	4.83392E-06				
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl); N12(Deamidated)	3074.49350	0	1.18314E-06				
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); Q9(Deamidated); N26(Deamidated)	3461.63344	0	2.85452E-05				
	GILTLKYPIEHGVVSNWDDMEK	12	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2544.28324	0	2.21094E-08				
	YPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	12	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		3415.58535	0	1.5478E-10				

	YPIEHGVVSNWDDMEKIWHHTFYNELR	2	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M14(Oxidation)	3431.58217	0	2.36785E-05			
	MSKEITALAPSSMK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1525.76030	0	1.33244E-07			
	DIKEKLSFVADYEQEMETSK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	Q15(Deamidated)	2490.20761	0	2.13521E-05			
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	8	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); M15(Oxidation); M29(Oxidation)	3491.63808	0	2.67954E-06			
	CDVDIRKDLYGNIVLSGGTTMFSGIADR	5	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C1(Carbamidomethyl); M21(Oxidation)	3089.50210	0	2.13353E-05			
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M16(Oxidation); M19(Oxidation)	2435.25405	0	1.91321E-05			
	IAPEEHPVLTEAPLNPKANREK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2566.39157	0	0.000486637			
	LSFVAVDYEQEMETSK	3	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M12(Oxidation)	1891.85930	0	7.5819E-06			
	IKVVAPPERK	24	9	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1136.71233	0.000087	0.001408007			
	GYMFTTTAER	8	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		1176.53472	0.000087	0.000353784			
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	16	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2403.26401	0.000087	0.004404099			
	MSKEITALAPSSMKIK	1	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M13(Oxidation)	1750.94375	0.000099	0.000191896			
	FRCPEVLFQPSFVGMEAAGIHETTYNSIMK	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C3(Carbamidomethyl); N26(Deamidated)	3460.65664	0.0001	0.000290784			
	DAYVGDEAQSKRGILTLK	20	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1964.04489	0.000141	0.002178436			
	AEYDEAGPGIVHRK	20	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1541.76816	0.000164	0.00494487			
	EITALAPSSMKIK	9	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1404.77414	0.000166	0.004857107			
	MSKEITALAPSSMKIK	4	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M1(Oxidation); M13(Oxidation)	1766.93589	0.000182	3.66111E-05			
	AVFPSVVGRPR	24	4	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1184.68913	0.000186	0.000717885			
	EITALAPSSMK	5	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT	M10(Oxidation)	1163.59758	0.000254	0.001055479			
	GYMFTTTAER	4	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1	M3(Oxidation)	1192.52934	0.000254	0.001239835			
	EITALAPSSMK	16	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1147.59978	0.000313	0.008685584			
	AVFPSVVGRPRHHGVMVGMNQK	1	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	M19(Oxidation)	2419.25351	0.000415	0.004010107			
	AEYDEAGPGIVHR	8	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		1413.67545	0.000445	0.008632888			
	ADADDIQPIVCDNGTGMVK	3	1	1	AT1G49240.1	N-Term(Acetyl); C11(Carbamidomethyl)	2060.92388	0.000445	0.009689135			
	RGILTLK	24	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		800.53502	0.000458	0.001585265			
	EITALAPSSMKIK	8	8	4	AT5G09810.1;AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT		1388.78240	0.001671	0.04777655			
	TSSSIEKNYELPDGQVITIGAER	2	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	Q15(Deamidated)	2508.25469	0.002519	0.09203809			
	ADADDIQPIVCDNGTGMVKAGFAGDDAPR	3	1	1	AT1G49240.1	C11(Carbamidomethyl); T15(Phospho)	3056.32534	0.008319	0.1784335	36	1.0	T(15): 100.0
	NYELPDGQVITIGAERFR	16	4	3	AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT1G49240.1		2078.06119	0.020558	0.387749			
	EIVRDIKEK	12	6	4	AT2G37620.1;AT3G18780.2;AT5G09810.1;AT		1129.65593	0.022162	0.3816489			
	AEYDEAGPGIVHRKCF	4	2	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1	C15(Carbamidomethyl)	1848.86716	0.164694	1			
	EKLSFVADYEQEMETSKTSSSIEK	4	3	2	AT3G18780.2;AT1G49240.1		2865.37461	0.38745	0.9964755			
AT3G50370.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unkn	6.96	1	8		9	67					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SEVEHPGPSTSIGGINYSHKGR	20	1	1	AT3G50370.1		2309.12417	0	0.000134201			
	HGPYSPYPEKLYQNPEGDDYYPFGRPR	8	1	1	AT3G50370.1		3242.47915	0	0.000642411			
	LYQNPEGDDYYPFGRPR	12	1	1	AT3G50370.1		2086.95682	0	0.000370638			
	TFQGAETTMQNLTVHPNIGR	5	1	1	AT3G50370.1	M9(Oxidation)	2231.08445	0	0.000349482			
	HGPYSPYPEKLYQNPEGDDYYPFGRPR	2	1	1	AT3G50370.1	N14(Deamidated)	3243.50136	0	0.000907538			
	ENFGEQYGDPGWGQSQGRPR	8	1	1	AT3G50370.1		2265.00382	0.000087	0.000163036			
	HRLFMEEER	1	1	1	AT3G50370.1	M5(Oxidation)	1262.59247	0.001315	0.03339841			
	SGSNKSTQESSALPVIPK	4	1	1	AT3G50370.1		1829.96317	0.001706	0.03715123			
	QALDSSASGLNAMQKTVSGGSFENR	3	1	1	AT3G50370.1	S6(Phospho)	2635.18520	0.008406	0.231651	3	0.2	S(5): 16.7; S(6): 16.7; S(8): 16.7; T(16): 16.7; S(18): 16.7; S(21): 16.7
	VGAAEPMER	4	1	1	AT3G50370.1		959.46440	0.511478	1			
AT1G73270.1	serine carboxypeptidase-like 6	7.96	1	1		1	5					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SERNPKEDPLLLWLTGGPGCSAISGLLYENGPLTMK	5	1	1	AT1G73270.1	T15(Phospho); C20(Carbamidomethyl); T34(Phospho)	4073.92380	0.008647	0.1906116	7	0.2	S(1): 26.1; T(15): 44.6; S(21): 27.0; S(24): 25.6; Y(28): 27.8; T(34): 48.9
AT5G65600.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	7.56	17	1		3	26					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LGDFGLAR	24	22	2	AT4G01370.1;AT5G65600.1		848.46233	0	1.55791E-05			
	ADSRIGLVIGISASGFVFLTFMVITTVVVWSR	1	1	1	AT5G65600.1	S3(Phospho); T25(Phospho); T26(Phospho); S31(Phospho)	3761.74635	0.010728	0.2635143	12	0.1	S(3): 87.4; S(12): 31.4; S(14): 51.4; T(20): 35.6; T(25): 44.0; T(26): 65.7; S(31): 84.4
	QGKNEFLNEVK	1	1	1	AT5G65600.1	Q1(Deamidated); N4(Deamidated); N8(Deamidated)	1308.63544	0.506019	0.9942224			
AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family protein	23.24	1	5		5	39					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	THTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	8	1	1	AT4G26780.1		2872.33755	0	0.001066006			
	KTHTEASKTSEEKPTAEANQPGLDSESK	24	1	1	AT4G26780.1		3000.43056	0	0.000300821			
	SLLDVADNLGR	4	1	1	AT4G26780.1		1172.62676	0.000087	0.000719483			
	TYAEMENVMDR	2	1	1	AT4G26780.1	M5(Oxidation); M9(Oxidation)	1390.55840	0.000153	0.000410327			
	ASSVVKESFSKLDTSEDSAGAAPLLK	1	1	1	AT4G26780.1	S8(Phospho); S10(Phospho)	2797.29824	0.012801	0.2786565	22	0.6	S(2): 8.7; S(3): 8.7; S(8): 75.1; S(10): 75.1; T(14): 10.8; S(15): 10.8; S(18): 10.8
AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	8.52	1	2		3	19					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IIVCAGGPITYGPGSVPHSMSHPNYPYMEK	1	1	1	AT4G01810.1	C4(Carbamidomethyl); N24(Deamidated)	3260.53164	0	5.52996E-05			
	IIVCAGGPITYGPGSVPHSMSHPNYPYMEK	1	1	1	AT4G01810.1	C4(Carbamidomethyl); M20(Oxidation); M28(Oxidation)	3291.51186	0	6.50471E-05			
	LANVASLGFGAIVSAGREISPGPQIIQRDPHR	1	1	1	AT4G01810.1	S6(Phospho); S14(Phospho); S20(Phospho)	3566.70774	0.014033	0.273412	8	1.0	S(6): 100.0; S(14): 100.0; S(20): 100.0
	ATVDERIKDIALK	16	1	1	AT4G01810.1		1471.85503					
AT2G38390.1	Peroxidase superfamily protein	9.74	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	TAFADVGLNRPSDLVALSGGHTFGKAQCQFVTPR	2	1	1	AT2G38390.1	S12(Phospho); C28(Carbamidomethyl)	3697.77138	0.015168	0.3102354	3	0.3	T(1): 15.4; S(12): 26.4; S(18): 21.0; T(22): 21.0; T(32): 16.2
AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unkn	8.81	1	1		1	1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	KGGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGGGAGGAGGG/	1	1	1	AT4G01985.1	S43(Phospho)	3587.69455	0.015876	0.3059332	0	0.5	S(23): 49.0; S(43): 51.0
AT3G02830.1	zinc finger protein 1	27.46	4	6		7	61					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IGQPECEYYLK	24	1	1	AT3G02830.1	C6(Carbamidomethyl)	1399.65569	0.000087	0.000137515			
	QAPPPDCLLSSIGLPLRPGEPLCVFYTR	12	1	1	AT3G02830.1	C7(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl)	3153.62436	0.000182	0.000133922			
	VSLNMLGYPLRSNEVDCAYFLR	4	1	1	AT3G02830.1	C17(Carbamidomethyl)	2617.28409	0.000192	0.000716784			
	FGTVCKFHHPR	8	1	1	AT3G02830.1	C5(Carbamidomethyl)	1385.68760	0.000355	0.0203353			
	FGVTCKFHHPR	8	1	1	AT3G02830.1	C5(Carbamidomethyl)	1385.68796	0.000868	0.01646983			
	ENVFPERPGQPECQFYMK	2	4	1	AT3G02830.1	C13(Carbamidomethyl); M17(Oxidation)	2272.00833	0.003333	0.05822463			
	QAPPPDCLLSSIGLPLRPGEPLCVFYTR	2	1	1	AT3G02830.1	Q1(Deamidated); C7(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl)	3154.62778	0.013272	0.2292267			
	NKAGIAGRVSLNMLGYPLR	1	1	1	AT3G02830.1	S10(Phospho)	2110.10227	0.016331	0.3097203	47	1.0	S(10): 100.0; Y(16): 0.0
AT1G49880.1	Erv1/Alr family protein	16.75	1	1		1	2					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	NTPPSSQSTIQNPIISLDSSPPIATNSSSLQK	2	1	1	AT1G49880.1	S29(Phospho)	3389.65894	0.016405	0.3638449	0	0.1	T(2): 8.3; S(5): 8.3; S(6): 8.3; S(8): 8.3; T(9): 8.3; S(16): 8.3; S(19): 8.3; S(20): 8.3; T(25): 8.3; S(27): 8.3; S(28): 8.3; S(29): 8.3
AT4G10955.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.29	1	1		1	1					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	SVAGSLVQGIYVAER	1	1	1	AT4G10955.1	S5(Phospho)	1628.81069	0.017624	0.3935348	20	0.8	S(1): 17.7; S(5): 77.2; Y(11): 5.1
AT1G64790.1	ILITYHIA	6.63	2	8		12	218					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	GAENVQAAQKYITGLDAR	60	2	1	AT1G64790.1		1904.97759	0	6.62238E-07			
	CALHVFQLTK	24	2	1	AT1G64790.1	C1(Carbamidomethyl)	1216.65067	0	2.42203E-05			
	QLATDPSNTKVVIDVLSSIVSALHDDSSEVR	44	2	1	AT1G64790.1		3295.68740	0	0.00015838			
	DGNTPVRLAAER	36	2	1	AT1G64790.1		1298.68064	0	2.93099E-05			
	QLATDPSNTKVVIDVLSSIVSALHDDSSEVR	4	2	1	AT1G64790.1	N8(Deamidated)	3296.67104	0	8.61482E-05			
	QLATDPSNTKVVIDVLSSIVSALHDDSSEVRR	4	2	1	AT1G64790.1		3451.80067	0	0.000280153			

	CALHVFQLTK	2	2	1	AT1G64790.1	C1(Carbamidomethyl); Q7(Deamidated)	1217.63550	0.0001	0.002811984				
	GAENVQAAQKYITGLDARR	8	2	1	AT1G64790.1		2061.08384	0.000868	0.01347174				
	SPIVSAAAFENLVK	5	2	1	AT1G64790.1	S5(Phospho)	1525.75934	0.017784	0.3293382	48	0.9	S(1): 10.3; S(5): 89.7	
	GKMINAGIMIIDK	1	2	1	AT1G64790.1	N5(Deamidated)	1404.75016	0.036361	0.4498722				
	LLEVLNTPSESVQRAVSTCLSPLVLSKQEEAPALFLR	1	2	1	AT1G64790.1	Q13(Deamidated); C19(Carbamidomethyl)	4096.17162	0.348436	0.9641378				
	KAVDDLIVK	24	2	1	AT1G64790.1		1000.60399						
	ELMLKEEASTR	1	2	1	AT1G64790.1	M3(Oxidation)	1322.66509						
	QGVCIGLNEVMASAGR	4	2	1	AT1G64790.1	C4(Carbamidomethyl)	1661.80251						
AT3G11050.1	ferritin 2	9.09	1	1		1	1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ASPALSLLSSGYTGGGNLFPPSR	1	1	1	AT3G11050.1	S22(Phospho)	2329.11054	0.018067	0.3966558	19	0.7	S(2): 1.0; S(6): 1.9; S(9): 5.6; S(10): 5.6; Y(12): 5.6; T(13): 5.6; S(22): 74.8	
AT3G62010.2	unknown protein; LOCATED IN: cellular_component unknow	3.76	2	1		2	4						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	YDGAIMVIHETKDGQIFDLWENVDADSVQTPLEVYK	2	2	1	AT3G62010.2	S27(Phospho)	4218.94483	0.019352	0.3490795	5	0.2	Y(1): 22.4; T(11): 22.4; S(27): 22.4; T(30): 22.4; Y(35): 10.2	
	KMLAYLGTKLK	2	2	1	AT3G62010.2	T8(Phospho)	1345.72263			24	0.5	Y(5): 50.0; T(8): 50.0	
AT2G07170.1	ARM repeat superfamily protein	1.71	1	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ESSELFSTSDFKVK	3	1	1	AT2G07170.1	T8(Phospho)	1683.76023	0.020976	0.4405586	13	0.3	S(2): 5.0; S(3): 5.0; S(7): 30.0; T(8): 30.0; S(9): 30.0	
AT5G11670.1	NADP-malic enzyme 2	8.67	1	2		2	9						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	DAHYLTGLLPVILSQDVQER	4	1	1	AT5G11670.1		2364.24955	0	0.000897393				
	LLIDNVEELLPVVYTPTVGEACQKYGSIFR	5	1	1	AT5G11670.1	C22(Carbamidomethyl); S27(Phospho)	3503.75827	0.021628	0.3761999	26	0.4	Y(14): 1.5; T(15): 7.1; T(17): 7.1; Y(25): 42.1; S(27): 42.1	
AT5G19900.1	PRLI-interacting factor, putative	21.46	1	6		6	44						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SVDEVKANKQSVGVGSSGESKPEGK	20	1	1	AT5G19900.1		2503.25747	0	2.08697E-11				
	DNEAVVKENNNNSKSVDEVK	16	1	1	AT5G19900.1		2232.06992	0	1.39252E-06				
	ITSDKRPMMEQQQQQIR	1	1	1	AT5G19900.1	M8(Oxidation); M9(Oxidation)	2149.04367	0.003526	0.06147516				
	NTTSFIIR	4	1	1	AT5G19900.1		951.52489	0.006564	0.1046574				
	LFLMER	1	1	1	AT5G19900.1	M4(Oxidation)	824.43334	0.009495	0.1868907				
	KSGGIAELVSPCPVTPAVLPTPMFSPSREVLGDMAK	2	1	1	AT5G19900.1	S2(Phospho); C12(Carbamidomethyl); S25(Phospho)	3898.84861	0.02365	0.3842088	1	0.1	S(2): 32.9; S(10): 32.9; T(15): 36.2; T(21): 36.2; S(25): 32.5; S(27): 29.3	
AT4G34310.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.67	2	1		1	1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	WHGSLVARLLLEDLKLPLSDSVSDWSSSLLATVSHASK	1	2	1	AT4G34310.2	S4(Phospho)	4198.17641	0.024455	0.3914389	5	0.3	S(4): 27.5; S(19): 8.9; S(21): 8.0; S(23): 8.0; S(26): 8.0; S(27): 8.0; S(28): 8.0; T(32): 8.0; S(34): 8.0; S(37): 8.0	
AT2G01690.1	ARM repeat superfamily protein	29.88	2	7		9	100						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	RSEEQQQQQQQQQQQQQQQRPPPSSTSSSVADNNRPPSR	6	2	1	AT2G01690.1		4659.18714	0	3.86853E-05				
	LQQFENVQNLHRGQAR	16	2	1	AT2G01690.1		1938.00405	0	0.000208324				
	SDALSAIPAAVHR	3	2	1	AT2G01690.1	N-Term(Acetyl)	1349.71904	0	3.21742E-05				
	RSEEQQQQQQQQQQQQQQQRPPPSSTSSSVADNNRPPSR	30	2	1	AT2G01690.1	Q11(Deamidated)	4660.18751	0	3.22774E-05				
	TRVNYSYHSSSSSTSKEVR	8	2	1	AT2G01690.1		2175.03725	0	0.000986073				
	RSEEQQQQQQQQQQQQQQQRPPPSSTSSSVADNNRPPSR	10	2	1	AT2G01690.1	Q16(Deamidated); Q17(Deamidated)	4661.15766	0	9.56801E-05				
	ATSGVPFSQYKHQNEDGDLEDDNINSSHQGINFAVR	10	2	1	AT2G01690.1		3989.83289	0.000356	0.005844534				
	ATSGVPFSQYKHQNEDGDLEDDNINSSHQGINFAVR	7	2	1	AT2G01690.1	N14(Deamidated); N23(Deamidated); N25(Deamidated)	3992.80500	0.000413	0.001094757				
	TVPTYSFSTGNQIGR	4	2	1	AT2G01690.1		1627.79668	0.000762	0.01089875				
	VVARETNEELRSIHVEPSDGFDVGAILSVAR	2	2	1	AT2G01690.1	S12(Phospho); S18(Phospho)	3525.67152	0.025437	0.4178493	0	0.1	T(6): 35.1; S(12): 35.1; S(18): 62.8; S(28): 67.0	
	VYRELSTILEGEDNLDFASTMVQALNLILLTSPELSK	2	2	1	AT2G01690.1	N14(Deamidated); N26(Deamidated)	4125.13437	0.109011	0.7678415				
	QQADSALSEFLQEIK	2	2	1	AT2G01690.1	Q2(Deamidated); Q12(Deamidated)	1708.83121	0.651545	1				
AT4G38770.1	proline-rich protein 4	13.39	1	2		3	11						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IKTPHAFSGLR	8	1	1	AT4G38770.1		1226.70087	0.000153	0.000418826				
	KEVPPPVPVYKPPPK	1	1	1	AT4G38770.1	Y10(Phospho)	1751.95328	0.026158	0.4063287	34	1.0	Y(10): 100.0	
	YSPPVEVPPPVPVYEPPPKKEIPPPVPVYDPPPK	2	1	1	AT4G38770.1	S2(Phospho)	3821.97485	0.094383	0.837854	1	0.3	Y(1): 31.7; S(2): 25.0; Y(14): 25.0; Y(29): 18.2	
AT5G07740.1	actin binding	3.76	1	1		3	13						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SVYASALAIPAICSTSQAPTSSPTPPPPPPAYYSVGQK	10	1	1	AT5G07740.1	C13(Carbamidomethyl); S21(Phospho); Y33(Phospho)	4018.84348	0.02894	0.5594942	9	0.0	S(1): 6.6; Y(3): 6.6; S(5): 6.6; S(14): 13.8; T(15): 13.8; S(16): 13.8; T(20): 13.8; S(21): 13.8; S(22): 13.8; T(24): 13.8; Y(32): 27.8; Y(33): 27.8; S(34): 27.8	
	SSQKLKEIMK	1	1	1	AT5G07740.1		1191.67302						
	DGKRATSPDGVIPK	2	1	1	AT5G07740.1	T6(Phospho)	1520.74822			23	0.8	T(6): 76.6; S(7): 23.4	
AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 1	20.29	1	1		6	28						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	SNDAGIVLGKLSGR	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		1386.76819	0	0.00055436				
	LGVDIIEAGFPAASKDDFEAVK	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		2292.17356	0	0.001343				
	TFSGTGAGMDIVVSSVK	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		1655.83147	0	1.04547E-05				
	AGNASLEEVAMAIK	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1		1431.74443	0.000274	0.00743488				
	LGVDIIEAGFPAASKDDFEAVKTIAETVGNTVDENGYVPVICGLSR	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1	C42(Carbamidomethyl)	4837.41128	0.00249	0.05012831				
	LGVDIIEAGFPAASKDDFEAVKTIAETVGNTVDENGYVPVICGLSR	4	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1	N30(Deamidated); C42(Carbamidomethyl)	4838.42983	0.003109	0.07744669				
	ESSILKSPNLSSPSFGVPSIPALSSSSTSPFSSLHLR	3	1	1	AT1G74040.1	S7(Phospho)	3880.94007	0.029717	0.5703144	2	0.1	S(2): 7.1; S(3): 7.1; S(7): 7.1; S(11): 7.1; S(12): 7.1; S(14): 7.1; S(19): 11.7; S(24): 7.1; S(25): 7.1; S(26): 5.3; S(27): 5.3; T(28): 5.3; S(29): 5.3; S(32): 5.3; S(33): 5.3	
	LGVDIIEAGFPAASKDDFEAVKTIAETVGNTVDENGYVPVICGLSR	1	2	2	AT1G74040.1;AT1G18500.1	N30(Deamidated); N35(Deamidated); C42(Carbamidomethyl)	4839.42348	0.081605	0.6815635				
AT3G62360.1	Carbohydrate-binding-like fold	4.40	1	2		2	6						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VALTHGPTNVKPQMK	1	1	1	AT3G62360.1		1620.88620	0.001024	0.02241662				
	GEIAIETSTLSAGSFVAGPLYDDIPYATEASKPGYHIKR	5	1	1	AT3G62360.1	S11(Phospho)	4205.05434	0.031446	0.4820443	0	0.1	T(7): 10.0; S(8): 10.0; T(9): 10.0; S(11): 10.0; S(14): 10.0; Y(21): 10.0; Y(26): 10.0; T(28): 10.0; S(31): 10.0; Y(35): 10.0	
AT4G31120.2	SHK1 binding protein 1	13.18	2	4		4	50						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	ASELTTVLMVVGAGRGPLVR	4	2	1	AT4G31120.2		2026.14255	0	5.93365E-06				
	FLKPDGISIPSSYTSFIQPITASK	36	2	1	AT4G31120.2		2597.38584	0	2.9516E-05				
	AHKDLAHFETAYVVK	4	2	1	AT4G31120.2		1728.90713	0	0.00012722				
	ASELTTVLMVVGAGRGPLVR	5	2	1	AT4G31120.2	M9(Oxidation)	2042.14084	0.000146	0.000423109				
	DVHLGIEPTTATPNMFSW	1	1	1	AT4G31120.2	S17(Phospho)	2095.92093	0.031227	0.430492	31	1.0	T(9): 0.5; T(10): 0.5; T(12): 1.4; S(17): 97.6	
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 fa	18.61	1	1		1	7						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	WFNHIDALRISGVSAEGSGVIVEGSSPITEEAVATPPAADSK	7	1	1	AT2G18110.1	S15(Phospho); S19(Phospho); S26(Phospho); S27(Phospho)	4698.10610	0.032584	0.4821121	4	0.0	S(12): 52.2; S(15): 52.2; S(19): 52.2; S(26): 52.2; S(27): 52.2; T(30): 52.2; T(36): 52.2; S(42): 34.4	
AT3G43790.1	zinc induced facilitator-like 2	6.49	2	1		1	8						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	KPIILIGTFSVIIFNTLFGLSTSFWLAISVR	8	2	1	AT3G43790.1	S21(Phospho); T22(Phospho)	3613.92251	0.03569	0.6484227	6	0.1	T(8): 15.1; S(10): 15.1; T(16): 32.2; S(21): 34.4; T(22): 34.4; S(23): 34.4; S(29): 34.4	
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.90	1	1		1	1						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	VAFKEVSGVLSITPAVSGNKK	1	1	1	AT1G70200.1	S7(Phospho); S11(Phospho)	2291.13735	0.038795	0.458903	12	0.6	S(7): 73.0; S(11): 73.0; T(13): 27.0; S(17): 27.0	
AT5G16330.1	NC domain-containing protein-related	7.44	1	1		1	3						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	RGTCTIAPSDPCDEVISR	3	1	1	AT5G16330.1	C4(Carbamidomethyl); S9(Phospho); C12(Carbamidomethyl); S17(Phospho)	2193.86269	0.039343	0.684857	64	0.9	T(3): 5.3; T(5): 0.4; S(9): 94.3; S(17): 100.0	
AT3G46370.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	4.41	39	2		2	25						
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**	
	IADFGLSR	24	40	1	AT3G46370.1		878.47228	0.000164	0.007855495				
	IISLNLSSSGLTGNIATGIQNLTKLQK	1	1	1	AT3G46370.1	S8(Phospho); S9(Phospho); T12(Phospho)	3024.48301	0.039744	0.5433117	2	0.0	S(3): 45.9; S(7): 45.9; S(8): 45.9; S(9): 45.9; T(12): 45.9; T(17): 35.2; T(23): 35.2	
AT4G26330.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	2.95	1	1		1	4						

	Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	q-Value	PEP	pRS Score	pRS Probability	pRS Site Probabilities
	SPRDYLGHGTHTASTAVGSVVR	4	1	1	AT4G26330.1	T10(Phospho)	2348.10073	0.039941	0.6894318	26	0.8	S(1): 1.2; Y(5): 1.2; T(10): 81.9; T(12): 11.1; S(14): 1.2; T(15): 1.2; S(19): 2.3
AT5G01410.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	93.85	1	21		32	521					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	IAEEAGACAVMALER	12	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl); M11(Oxidation)	1606.75505	0	1.66094E-09			
	GGVIMDVVNAEQAR	12	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1		1458.73577	0	3.82868E-07			
	GGVIMDVVNAEQAR	13	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	M5(Oxidation)	1474.73076	0	1.00573E-07			
	IAEEAGACAVMALER	32	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl)	1590.75920	0	1.16248E-05			
	TKGEAGTGNIIEAVR	40	1	1	AT5G01410.1		1515.81120	0	1.86277E-08			
	AIVQAVTHYSDPEMLVEVSCGLGEAMVGINLNDEKVER	12	1	1	AT5G01410.1	C20(Carbamidomethyl)	4173.03237	0	8.2133E-09			
	AIVQAVTHYSDPEMLVEVSCGLGEAMVGINLNDEK	16	1	1	AT5G01410.1	C20(Carbamidomethyl)	3788.81284	0	3.4435E-06			
	NMDDDEVFTFAK	8	1	1	AT5G01410.1		1431.60759	0	0.000127087			
	VGLAQMLR	8	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1		887.51348	0	8.0284E-05			
	VGLAQMLRGGVIMDVVNAEQAR	5	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	M13(Oxidation)	2343.21805	0	2.25553E-09			
	VLRNMDDDEVFTFAK	12	1	1	AT5G01410.1		1799.85723	0	1.43808E-05			
	IAEEAGACAVMALERVPADIR	8	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl)	2242.13028	0	4.72161E-06			
	KLAAPYDLVMQTK	20	1	1	AT5G01410.1		1477.80718	0	0.000324681			
	VGLAQMLRGGVIMDVVNAEQAR	8	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1		2327.23093	0	1.00942E-09			
	GEAGTGNIIEAVRHVR	48	1	1	AT5G01410.1		1678.89687	0	0.000136263			
	MSDPQMIKEIKQAVTIPVMAK	8	1	1	AT5G01410.1		2358.26504	0	0.000136578			
	NMDDDEVFTFAK	2	1	1	AT5G01410.1	M2(Oxidation)	1447.60356	0	9.03301E-05			
	VLRNMDDDEVFTFAK	6	1	1	AT5G01410.1	M5(Oxidation)	1815.85892	0	5.12443E-06			
	MSDPQMIKEIK	12	1	1	AT5G01410.1		1319.66983	0	2.71692E-05			
	SVNGDIRVLRNMDDDEVFTFAK	16	1	1	AT5G01410.1		2541.24038	0	2.02387E-05			
	IAEEAGACAVMALERVPADIRAQGGVAR	12	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl); M11(Oxidation)	2897.47451	0	1.55404E-05			
	VLRNMDDDEVFTFAKK	4	1	1	AT5G01410.1		1927.95852	0	3.70721E-05			
	NMDDDEVFTFAKK	8	1	1	AT5G01410.1		1559.70243	0	0.000357708			
	NMDDDEVFTFAKKLAAPYDLVMQTK	12	1	1	AT5G01410.1		2890.39516	0	0.000724977			
	MEGTGVVAVYGNGAITEAK	3	1	1	AT5G01410.1	N-Term(Acetyl)	1908.93804	0	3.85776E-09			
	MEGTGVVAVYGNGAITEAKKSPFSVK	5	1	1	AT5G01410.1	N-Term(Acetyl)	2682.38120	0	1.85688E-05			
	QLGLRPVVQFAAGGVATPADAALMMQLGCDGVFVGSGIFK	6	1	1	AT5G01410.1	Q9(Deamidated); Q26(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	4051.05136	0	9.66701E-05			
	MSDPQMIKEIK	2	1	1	AT5G01410.1	Q5(Deamidated)	1320.65274	0	0.00057499			
	IAEEAGACAVMALERVPADIR	7	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl); M11(Oxidation)	2258.12198	0	1.16644E-05			
	EGAAMIRTKGEAGTGNIIEAVR	4	1	1	AT5G01410.1		2244.17630	0	0.000149252			
	LAAPYDLVMQTK	4	1	1	AT5G01410.1	M9(Oxidation)	1365.70598	0	2.67989E-06			
	VGLAQMLRGGVIMDVVNAEQAR	15	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	M6(Oxidation); M13(Oxidation)	2359.22641	0	1.31413E-10			
	MSDPQMIKEIK	9	1	1	AT5G01410.1	M1(Oxidation); M6(Oxidation)	1351.65909	0	9.58714E-05			
	AIVQAVTHYSDPEMLVEVSCGLGEAMVGINLNDEKVER	1	1	1	AT5G01410.1	M14(Oxidation); C20(Carbamidomethyl); M26(Oxidation)	4205.01479	0	1.2717E-05			
	NMDDDEVFTFAKKLAAPYDLVMQTK	5	1	1	AT5G01410.1	M2(Oxidation); M22(Oxidation)	2922.39272	0	3.52448E-06			
	TKGEAGTGNIIEAVRHVR	20	1	1	AT5G01410.1		1908.03945	0.000087	0.000687578			
	IAEEAGACAVMALERVPADIRAQGGVAR	16	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl)	2881.47525	0.000087	0.000805541			
	VPADIRAQGGVAR	36	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1		1309.73334	0.000141	0.002386338			
	VGLAQMLR	2	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	M6(Oxidation)	903.50810	0.000254	0.000800181			
	AIVQAVTHYSDPEMLVEVSCGLGEAMVGINLNDEK	1	1	1	AT5G01410.1	M14(Oxidation); C20(Carbamidomethyl); M26(Oxidation)	3820.78672	0.000254	0.000233295			
	QLGLRPVVQFAAGGVATPADAALMMQLGCDGVFVGSGIFKSGDI	3	1	1	AT5G01410.1	Q1(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	4633.35756	0.000362	0.009810691			
	QLGLRPVVQFAAGGVATPADAALMMQLGCDGVFVGSGIFKSGDI	3	1	1	AT5G01410.1	Q9(Deamidated); Q26(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	4634.34096	0.000369	0.001997664			
	QLGLRPVVQFAAGGVATPADAALMMQLGCDGVFVGSGIFK	1	1	1	AT5G01410.1	Q26(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	4050.06552	0.000623	0.008129297			
	KLAAPYDLVMQTK	7	1	1	AT5G01410.1	M10(Oxidation)	1493.80535	0.00067	0.007769922			
	QLGLRPVVQFAAGGVATPADAALMMQLGCDGVFVGSGIFK	1	1	1	AT5G01410.1	Q1(Deamidated); Q9(Deamidated); Q26(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	4052.06137	0.001542	0.0329294			
	IGHFVEAQILEAIGIDYIDESEVLTLADEDHHINKHNFR	2	1	1	AT5G01410.1	Q8(Deamidated); N34(Deamidated)	4503.22863	0.001941	0.04228358			
	SVNGDIRVLRNMDDDEVFTFAK	3	1	1	AT5G01410.1	M12(Oxidation)	2557.23282	0.002507	0.04489525			
	NLGEALRR	24	2	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1		928.53105	0.008245	0.1766501			
	IAEEAGACAVMALERVPADIRAQGGVAR	1	3	2	AT2G38230.1;AT5G01410.1	C8(Carbamidomethyl); Q23(Deamidated)	2882.47190	0.008998	0.2260859			
	EGTGVVAVYGNGAITEAK	1	1	1	AT5G01410.1	T15(Phospho)	1815.85782	0.039952	0.4639813	20	0.1	T(3): 2.9; Y(9): 89.2; T(15): 8.0
	SVNGDIRVLR	4	1	1	AT5G01410.1		1128.64763	0.067878	0.793069			
	EIKQAVTIPVMAKAR	1	1	1	AT5G01410.1	Q4(Deamidated)	1655.94265	0.553166	1			
AT5G43060.1	Granulin repeat cysteine protease family protein	19.01	1	1		3	28					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	LSPMILLLAMIGVSYAMDMSIISYDENHHITTETSR	1	1	1	AT5G43060.1	Y15(Phospho)	4132.94419	0.041096	0.7033942	10	0.0	S(2): 0.5; S(14): 4.8; Y(15): 4.8; S(20): 4.8; S(23): 4.8; Y(24): 4.8; T(31): 18.9; T(32): 18.9; T(34): 18.9; S(35): 18.9
	CGIAMEASYPIKKGQNPPNPGPSPPSPIKPPTTCDK	3	1	1	AT5G43060.1	C1(Carbamidomethyl); S26(Phospho); T32(Phospho); C34(Carbamidomethyl)	3991.82077	0.706878	1	3	0.1	S(8): 29.6; Y(9): 29.6; S(23): 43.0; S(26): 38.7; T(32): 32.3; T(33): 26.9
	ALAHQPISVAIEAGGR	24	1	1	AT5G43060.1		1589.87510					
AT5G23020.1	2-isopropylmalate synthase 2	4.97	1	1		1	4					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	STYELSPEDVGIVKSENSGIVLGK	4	1	1	AT5G23020.1	T2(Phospho)	2714.33462	0.044068	0.5871146	3	0.2	S(1): 19.7; T(2): 19.7; Y(3): 19.7; S(7): 19.7; S(16): 10.6; S(19): 10.6
AT3G61140.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7,Proteasome comp	26.98	1	6		7	44					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	ANLLKHEYHAR	24	1	1	AT3G61140.1		1351.72107	0	2.94021E-06			
	MADAFKTSVSGLEKELEALITDNQIQAR	2	1	1	AT3G61140.1	M1(Oxidation)	3094.56948	0	0.000178025			
	EVVNKIGNRLGEK	8	1	1	AT3G61140.1		1455.82816	0.000087	0.001838917			
	KFLDVNPELGNSYNEVIAPQDIATYGGLCALASFDR	4	1	1	AT3G61140.1	Q20(Deamidated); C29(Carbamidomethyl)	3958.93650	0.0001	0.000385163			
	CASGLAHLELK	4	1	1	AT3G61140.1	C1(Carbamidomethyl)	1198.62320	0.000507	0.009867594			
	NFLELVPDVRELINDFYSSR	1	1	1	AT3G61140.1	Y17(Phospho)	2506.19668	0.044275	0.4984616	9	0.6	Y(17): 65.0; S(18): 17.5; S(19): 17.5
	ELEALITDNQIQAR	1	1	1	AT3G61140.1	Q12(Deamidated)	1614.82229					
AT2G26620.1	Pectin lyase-like superfamily protein	9.95	1	1		1	9					
	Sequence	**# PSMs**	**# Proteins**	**# Protein Groups**	**Protein Group Accessions**	**Modifications**	**MH+ [Da]**	**q-Value**	**PEP**	**pRS Score**	**pRS Probability**	**pRS Site Probabilities**
	DITSLNSKMGHFNFFFVHHFNITGVTITAPSDSPNTDGIK	9	1	1	AT2G26620.1	T23(Phospho)	4487.14524	0.044347	0.580566	6	0.2	T(3): 12.0; S(4): 12.0; S(7): 12.0; T(23): 18.8; T(26): 12.0; T(28): 12.0; S(31): 8.4; S(33): 6.5; T(36): 6.5

Tabelle B4-e: Col-0 KR Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

								Normalized abundance															
								0h			2h			4h			6h			8h			10h			24h		
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	2.67E-04	3.49	483	9	9		97633	80056	247261	484043	524081	475382	494920	409779	458491	376621	441604	259375	265792	335308	172267	245719	252659	396915	386755	483761
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	4.18E-04	4.18	475	7	7		1226652	662551	361161	325771	304923	285064	181800	211757	223543	234630	279381	175292	155170	209705	204333	213755	199640	182284	178374	216745
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	5.17E-03	2.22	480	5	5		24053416	28302029	23993312	15243608	22274425	18825725	20570098	10767147	15222139	21862188	14137253	25549212	22482940	27968917	33138188	30868865	30518878	12847408	15878624	16460013
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	6.43E-04	2.70	377	5	5		1341856	803539	915635	592886	452976	623183	541937	341734	250471	502646	517776	505507	484433	600125	869473	1245113	896132	572392	550296	601224
ATCG00490.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylase	4.55E-02	2.52	240	4	4		38752716	56893112	39531443	38909141	35719029	15918786	54427264	39265854	81912697	52768060	43055043	35433288	18649653	15574750	18629257	11416890	44749593	52313200	62429150	46233793
ATCG00810.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	1.09E-05	2.61	215	4	4		447572	388624	368137	266568	228467	215873	193586	152233	142500	247775	188832	192739	250488	267795	363501	402944	419546	283204	277886	267153
ATG24303.1	Ribosomal protein L3 family protein	2.34E-03	2.03	174	4	4		442128	258666	337509	175701	170361	182704	146972	133812	230687	177207	219204	189349	203124	260561	271569	353963	293975	201622	199705	207654
ATG60750.1	Transketolase	1.00E-02	2.43	114	4	4		500839	323350	516311	607516	495571	734845	779627	598087	943961	720632	472880	342837	258712	354208	366131	282521	563211	500850	541921	441403
ATG54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (AIRA6) (THI1) (THI4)	9.92E-03	2.19	205	3	3		273547	716482	726144	1150243	1376191	1077035	1057649	1167343	1031159	757326	716264	1361127	893016	899822	1464131	1264662	1035073	1165114	994700	1239869
ATG60080.1	RPL2,1 - ribosomal protein L2	3.27E-05	2.28	256	4	4		785848	631639	665102	399415	371647	380635	336440	276211	392874	387550	221025	380213	411287	413014	587941	688282	583561	523526	466552	499190
ATG13568.1	Ribosomal protein L2 family	2.46E-04	2.39	244	3	3		725795	635766	539112	256385	294451	245750	334183	218410	367473	315020	307081	306403	313526	472494	468818	590421	496557	475904	439788	442200
ATG54489.1	RPL9 - ribosomal protein L9	1.35E-03	2.08	109	3	3		179215	154808	196092	106636	73775	98506	94700	79051	130874	105582	89687	81197	78289	129388	173605	218749	187421	91102	130551	119775
ATG23345.1	Ribosomal L28 family	1.98E-04	2.79	97	3	3		169377	109935	105240	58252	57707	41913	47770	50716	39312	73272	49733	54849	46859	67782	108485	102832	92933	49711	45891	73088
ATG26740.1	CCL - CCH-like	1.23E-03	7.19	98	3	3		212979	228518	94824	171587	265628	273556	234867	161351	472371	112199	269671	187140	160294	275730	24580	31298	69010	374374	214773	309338
ATG29630.1	PY, THIC - thiaminC	6.18E-03	3.16	243	3	3		36856	51476	219390	338986	293319	319790	357352	266262	349561	295162	227445	271594	259818	204558	257640	347544	254304	318854	300949	291528
ATG52600.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	7.76E-02	2.10	98	3	3	AT1G51490.1	607727	734049	513047	512926	407257	474167	330690	396642	364252	322057	260176	350470	573519	480325	368317	512834	444911	402116	506160	734523
ATG13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	7.66E-03	2.02	83	2	2		491748	374755	243977	194999	131229	261837	211452	169115	168054	180067	190927	139477	230485	199362	369441	337520	314296	225499	195775	216132
ATG27830.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	2.94E-02	2.26	43	2	2		513002	188487	208292	142448	112740	187269	123895	172799	117911	149473	144800	197734	135247	206369	300372	383399	200817	115432	146460	141362
ATG54719.1	Ribosomal protein L19 family protein	2.26E-02	2.26	205	2	2		604351	607888	500823	341396	319224	364353	203445	258035	295667	207515	239168	280153	290925	397030	366382	617253	470411	396283	349954	361820
ATG75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	2.01E-03	2.70	72	2	2		243285	203651	216068	179247	179911	156092	164699	168005	107466	143343	68359	156525	144791	183022	303974	253449	299170	228012	163970	222038
ATG38970.1	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	1.50E-02	4.01	278	3	2	AT4G38970.2	2543767	832643	1132711	1226956	1850602	1492873	1485896	878885	3114822	3580751	3839910	2800494	2428798	2702002	2488975	2442661	1855522	1251951	834286	689066
ATG22130.1	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	1.63E-02	5.70	144	2	2	ATG22130.2	349967	125154	183750	206856	329702	288587	266201	106206	620958	868648	815198	532061	364384	676139	478933	404109	326441	248531	93054	101639
ATG63490.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.27E-03	2.32	110	2	2		721471	446101	523293	320584	256159	280090	258008	262898	207669	281290	217502	273503	172939	286871	383315	551010	434826	345617	303622	183753
ATG12900.1	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	1.07E-02	2.15	158	2	2	AT1G12900.2	948864	765486	754474	1053884	1589525	959346	1373509	1058129	1263252	1626295	1620550	1502015	1900838	1765357	1813864	1736102	1109549	1134734	840031	426866
ATG05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	8.67E-04	2.27	68	2	2		142375	145572	144459	64860	79912	81459	68043	82012	39077	82478	68253	81565	76883	98607	153310	162911	106695	93990	111916	100924
ATG25920.1	RPL15 - ribosomal protein L15	3.26E-03	2.59	177	2	2		430304	279559	274837	134532	130869	171768	121155	94375	227240	134387	119494	166766	115665	218366	289480	350708	293265	194352	174199	255708
ATCG00810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	3.61E-03	2.38	65	2	2		106248	84827	61726	39080	28477	38993	42133	36080	58760	47902	36715	57585	32486	56781	93529	91832	68442	53273	33709	44745
ATCG01120.1	RPL15 - ribosomal protein S15	8.00E-04	2.55	51	2	2		60716	61738	51864	44921	30558	45741	38759	34404	25186	35288	26489	46097	40844	50933	80784	85580	61033	53158	35079	48870
ATG49360.1	BKL1, ATBKL1 - beta-xylosidase 1	6.66E-02	2.80	89	2	2		306721	200738	106630	55605	93578	89352	74596	107811	90579	58718	87256	60281	83747	99809	58191	90223	120454	60659	60625	118948
ATG41750.1	Ribosomal protein L19 family protein	3.30E-04	2.39	103	2	2		207854	124655	134834	76795	69733	75434	63277	66004	66435	77919	76388	77888	69134	90913	90083	127107	123497	93443	73845	103077
ATG21330.1	1-D-MYO-INOSITOL 3-KINASE, 1-PHOSPHATIDYLINOSITOL 3-KINASE, ATPI1 - myo-inositol-1-phosphate synthase 1	4.65E-03	3.92	86	2	2	ATG10170.1	3842	14936	17848	42315	13627	42099	46381	49865	46290	47496	47528	43489	52598	48453	40765	34534	28869	31237	25838	31271
ATG62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	1.38E-01	4.38	91	2	2		15527	3311	14454	24177	16314	86921	30606	16982	29169	23793	12538	3679	14495	10887	10175	4886	15662	20156	16899	9942
ATG15950.1	CCR1, IRX4, ATCCR1 - cinnamoyl coa reductase 1	5.93E-03	2.43	102	2	2		26186	32124	55165	42100	65806	34203	97864	66024	64351	89913	93593	63287	60100	61669	71867	59349	68354	50700	36976	47505
ATG11840.6	GLX1 - glyoxalase I homolog	2.52E-01	4.04	63	2	2		33634	13439	13261	11813	16242	20034	11640	10755	95717	55080	48108	32776	20086	32432	28627	17490	14528	17441	10827	10003
ATG24740.1	CP12-1, CP12 domain-containing protein 1	8.59E-04	2.45	184	2	2		8586275	8243881	5192595	9095082	8263454	6652121	8988306	8560303	6902761	8070826	8644774	9363318	8869009	8071316	31774977	37594878	37851195	60431010	64238D1	30299344
AT4G35090.1	CAT2 - catalase 2	1.29E-02	2.99	117	1	1		1406535	628545	800292	1042514	1363491	688645	1367017	805752	2104399	1856395	1882493	1738356	1926631	1932734	1724621	1507191	1104123	764038	731303	380577
ATG52150.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.68E-03	2.01	94	1	1		2315622	2153607	2255831	1598467	1607636	2000584	1539545	1388869	1266990	1314228	914660	1546266	1495900	2394792	1477221	2437142	2649986	2163922	1994921	2231416
AT4G20360.1	PAP/FRIABEL (FRIABEL 3ABE1b - PAP/FRIED EGG WHITE-LIKE 3ABE1b-like protein 3ABE1b	3.62E-02	2.50	102	1	1		447628	205830	142716	141324	485062	274499	462504	455179	656576	690781	461206	421656	587788	449313	850266	541712	451828	336584	273492	125398
AT2G37190.1	Ribosomal protein L11 family protein	4.87E-04	2.04	22	1	1	ATG60670.1	107836	113179	92905	72664	69110	56281	69985	66074	83291	67882	44849	73531	57033	74936	122824	119672	101978	72248	64702	52551
ATG22400.1	Ribosomal protein L35	4.22E-02	2.16	65	1	1		366127	298547	283034	182882	191812	181098	156792	183634	97946	202136	179804	183374	155971	219241	154916	292013	278885	224853	139506	250656
AT2G45170.1	DHA81, ATDHA81 - dehydroascorbate reductase	4.23E-02	2.09	42	1	1		229129	159816	107446	202756	180757	269970	179677	132020	175999	199254	280336	161938	185369	296031	187292	292907	205417	140661	89507	152307
ATG01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSH6, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	3.18E-03	2.27	45	1	1		83357	82554	111694	150525	166278	162100	166505	182434	280387	168592	183716	170299	195694	152119	239897	241180	144522	137422	113663	162981
ATG64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.90E-02	2.26	52	1	1		669064	543111	575986	439179	387681	292432	331389	296057	220180	366186	409117	259599	423430	379158	326925	644602	449184	374264	182461	236047
ATG50470.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	1.19E-02	2.40	46	1	1		146513	143898	178639	81725	145349	120974	131559	127445	173738	96074	73894	144195	146626	167178	162176	185123	115923	125375	57924	58598
ATG20390.1	endoribonuclease L-PSP family protein	4.56E-02	2.28	81	1	1		229588	98554	161403	96931	74739	137781	151289	164751	127683	150994	248966	106858	78141	78341	103466	81108	113732	94599	98069	147145
ATG54320.1	Ribosomal protein S13/S18 family	5.40E-03	2.29	39	1	1		118548	89080	100898	56631	59071	54879	49869	61686	23235	54413	46786	52289	60443	67942	79413	113442	83028	71000	61860	65798
ATG60600.1	ASC1 - ribosomal protein S3	2.00E-02	3.15	53	1	1		85867	82438	53295	51979	57564	40822	77559	60355	63185	126947	67437	49162	22770	26177	30655	31592	21503	63436	63053	61860	50546
ATG23680.1	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	2.17E-02	2.05	66	1	1		352477	254193	386862	431167	617871	365692	572383	450221	870642	700487	658130	381333	521667	560773	821833	625280	515025	430137	353982	208058
AT4G25100.1	FSD1, ATSFD1 - Fe superoxide dismutase 1	2.91E-02	3.39	169	1	1		706591	298271	280512	355483	777607	364515	742955	412311	1202975	809356	921979	909717	867654	1221182	678436	765483	497574	518784	201166	165533
ATG05490.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	1.86E-02	2.39	46	1	1		13284	25098	20125	30356	45442	36168	46290	30133	41904	44554	20858	35037	28062	37853	48431	44306	47364	40251	28985	38850
ATG54020.1	Translation protein SH3-like family protein	1.45E-03	2.65	71	1	1		103572	118004	216175	171694	131084	154835	101482	105817	103123	107741	66962	106494	77829	128129	219500	236665	224253	152279	122134
AT4G25100.1	PSAD-2 - photosystem I subunit E-2	2.25E-02	2.29	33	1	1		29511	24927	48111	43470	30378	73253	43081	38399	78962	32947	42076	21545	21765	26628	26677	24437	40446	51127	60399	47081
ATG51780.1	FDH - formate dehydrogenase	3.41E-02	4.40	26	1	1		122788	87812	53199	73231	53478	33181	109398	73507	521190	65614	41528	96669	54798	58599	134682	282329	222263	52119	56381	76989
ATG20060.1	PGM2 - phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	6.65E-04	2.50	90	1	1		90261	68923	56176	36369	39084	25668	24960	31798	27535	36032	32521	38978	20119	39118	66779	61105	60842	58132	33144	37310
ATG08980.1	ATAM1, AM1, ATTOC64-I, TOC64-I - amidase 1	1.39E-03	2.08	41	1	1		55258	63482	73524	75376	61271	60568	55280	55651	66373	38506	27060	60784	57081	61282	65156	74487	55437	60659	81516	62797
ATG65220.1	Ribosomal L29 family protein	1.96E-03	2.68	224	1	1		399339	225811	190249	123204	117694	130662	121659	112134	172741	96091	106584	130271	110974	172538	214002	252594	216437	176782	126130	150055
AT4G14840.1	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHL1-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.26E-02	2.41	136	1	1		263897	193384	199601	253185	293253	238274	341178	246541	700837	531002	315716	474371	505313	388253	430947	473659	300790	235842	226476	105589
AT4G31230.1	AK-HSDH I, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase i	5.84E-03	2.61	49	1	1		29731	16697	17175	15439	10668	11654	31545	18275	47568	16008	13587	27931	22865	20416	33204	32861	32340	19255	24265	26539
ATG55220.1	trigger factor type chaperone family protein	4.81E-02	2.10	34	1	1		23502	15938	13630	16368	18879	17236	10594	11684	8464	23675	16954	22187	18528	10321	27861	16796	18424	18425	19668	26400
AT4G38140.1	PSRP4 - plastid-specific ribosomal protein 4	3.75E-02	2.32	54	1	1		110352	112864	84604	61795	61885	47828	60920	65890	206132	51726	45788	66525	60810	64388	120523	116750	101884	108829	77800	92173
ATG22890.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	2.07E-02	2.13	31	1	1		34577	55223	85316	112220	83527	86891	131516	146347	98455	126723	78837	114060	108128	123591	112575	104577	110847	130080	89244	118269
ATG50250.1	Ribosomal protein L36e family protein	3.84E-02	2.68	69	1	1		22537	18668	17931	18501	19107	9924	12480	16561	9770	21761	13248	26354	20555	33897	24379	46119	33672	5997	10478	23768
AT1G23190.1	PGM3 - phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.31E-03	3.14	67	1	1		50575	46207	39116	128252	124911	83292	79700	94635	128084	89821	59183	94650	120357	76464	43773	34541	44895	98004	104953	139215
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	9.85E-04	2.04	24	1	1		32582	23694	22721	30299	32464	36265	28560	25602	39288	28229	30681	52256	44271	60145	58091	52882	49808	24678	35072	40370
ATG07770.1	RPS15A - ribosomal protein S15A	2.54E-02	2.36	35	1	1		73324	30670	45112	28450	27179	27935	20548	21551	25698	46856	41073	30870	23144	44018	29163	72771	49990	14500	27158	22583
ATG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	1.48E-03	2.13	33	1	1		63584	64165	47492	42279	33428	30321	35621	39579	46179	39760	24857	36501	35442	39260	78438	68659	59375	58052	38448	44435
ATG27470.1	seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase	7.19E-03	2.13	46	1	1		19339	32075	17170	33191	62928	44229	40794	44636	34128	18266	25746	30970	31647	29901	35634	30939	34549	36454	33243	40390
ATG59970.1	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	7.61E-03	2.21	38	1	1	AT3G59970.3	71147	136846	61855	153214	133788	225327	173201	169323	203265	148868	179409	151814	167788	190460	153698	200138	190009	228004	180954	186791
ATG46290.1	KAS1, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	3.33E-02	3.13	20	1	1		58165	20719	22883	33441	37187	33001	18066	16141	13120	45931	22282	32754	16098	30327	70587	43372	31679	16858	8322	21406
AT2G30690.1	Protein of unknown function, DUF593	2.14E-03	2.06	43	1	1		47299	30078	35617	41230	39043	31425	19758	16633	9508	18639	28331	39374	35068	27651	19625	39762	27782	29349	36055	35272
AT4G26840.1	SUM1, SUMO 1, SUMO1, ATSUMO1 - small ubiquitin-like modifier 1	4.93E-02	2.60	70	1	1		59164	28640	52883	64381	50110	58131	61201	47794	118576	64912	47711	31256	25067	31311	39418	25561	52899	56533	66413	47559
ATG53650.1	elongation factor family protein	3.29E-02	2.02	108	1	1		55955	47755	116994	121636	138935	132669	146889	146434	153428	119830	122124	163413	100831	121923	160040	117319	109279	126951	80464	104499
ATG25380.1	Domain of unknown function (DUF220	1.45E-04	3.32	20	1	1		77375	103686	106777	69978	54609	51032	66396	60807	63030	36718	34799	76111	99550	75089	114089	128844	112251	63653	128038	89730
ATG54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	6.17E-03	2.36	68	1	1		45797	42481	25823	66195	70681	68266	57207	107529	94525	76418	47330	69560	64490	76662	98330	76682	94606	70108	53279	63070
ATCG00480.1	ATP8, PB - ATP synthase subunit beta	2.61E-02	4.24	21	1	1		2119	6470	10083	11207	12032	13162	22472	16493	26827	27530	25306	23005	26660	19922	14986	14997	21260	7262	13026	11541
AT1G17610.1	Malate synthase protein (TIM-MAS)	1.59E-02	6.51	21	1	1		470216	95305	171574	153224	364444	216007	246418	189374	628065	554281	1206827	376079	511310	427894	594959	296151	222341	194386	107184	104475
ATG25102.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	2.20E-02	4.11	26	1	1		21000	38832	28277	25091	25132	11101	40585	47715	68970	9451	16085	30797	19337	34079	65790	24329	41440	22410	35699	15334
ATG56070.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	2.90E-02	6.12	52	2	2		15386	78005	41319	62620	88979	197190	192809	315779	75843	37748	39210	45535	90146	57307	33459	36552	25519	89808	147776	43810
ATG54210.1	Ribosomal protein L17 family protein	8.01E-03	3.11	66	1	1		77504	84878	90033	55522	51331	62891	36297	36727	19008	30744	22062	40288	24518	72664	71984	104580	65580	46172	54424	28022
ATG43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	5.85E-04	4.08	88	1	1		40738	19282	17825	52650	47273	57169	54737	27176	43436	32606	28764	36669	47001	33104	15445	15409	7670	51620	57069	42368
ATG20020.1	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	1.22E-02	2.24	90	1	1		37976	55314	38612	44965	42942	54718	59998	41249	77874	48752	32644	35283	23655	22812	21608	22431	35794	47359	50965	33763
ATG62480.1	Vacuolar sorting receptor family protein	2.86E-02	18.00	30	1	1		407804	191174	33508	45646	93119	29428	24665	5952	4524	5729	27081	13462	45813	48519	87000	69116	32194	30851	107104	68916
ATG14650.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	4.13E-03	3.66	24	1	1		71061	93438	37248	126209	85902	74637	120174	105000	56486	89649	94685	101150	86555	87725	29653	25739	22995	59850	80948	104541
ATG16080.1	unknown protein	1.55E-02	2.77	44	1	1		15720	6377	13576	16539	12345	20633	18418	12454	25098	17027	13586	6440	7729	6065	11336	9431	13243	15304	16962	11744
ATG10170.1	ATNFXL1, NFXL1 - NF-X-like 1	4.19E-02	3.20	22	1	1		63086	25790	21957	35773	63828	28819	49511	49350	68964	61145	45436	68746	83155	53737	61380	51326	26567	32247	18747	13366
ATG56450.1	PBG1 - 20S proteasome beta subunit G1	3.48E-03	2.19	68	1	1		69163	90585	53475	79114	72103	75670	47990	79736	81057	87250	71317	46719	37784	37240	66203	77952	78875	97839	87928	81252
ATG68590.1	Ribosomal protein PSRP-3/Tic65	8.16E-03	2.18	65	1	1		168102	145643	104550	66979	67779	93315	75303	73560	43782	56378	71343	82417	75103	123216	97173	151687	111481	91634	102974	85022
ATG15340.1	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	2.50E-02	2.98	65	1	1		39049	49631	23520	23976	28279	18765	16105	13889	21166	10910	14169	11789	29854	30082	24528	23932	22415	24437	42668	37060
AT4G04020.1	PB - fibrillin	3.70E-02	2.01	94	1	1		24868	20396	13137	32070	25747	49206	31071	35074	49699	33275	42972	50007	49964	53619	29357	48568	44810	29709	32073	29860
ATG48030.1;	mtLPD1 - mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1	4.94E-02	4.14	64	1	1	AT3G17240.1	28249	26746	18236	32167	14746	5132	30738	22452	48391	41311	25280	9893	7506	8925	10432	10157	30678	21346	23220	17844
AT4G08630.1	unknown protein	8.93E-04	2.59	29	2	2		22201	13956	29946	13529	14157	14029	11016	13035	10722	16755	24076	18957	14269	15566	18257	16286	18945	27129	32265	30538
AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	6.53E-03	2.38	87	2	2		167254	219588	200459	166232	127633	176978	257095	180982	416815	144351	94850	158597	130428	119162	246814	286525	219220	216497	190210	168736
ATCG00750.1	RPS11 - ribosomal protein S11	2.81E-03	4.21	48	1	1		19120	43700	30566	10370	5987	8129	9449	7906	25005	17893	9299	28364	25288	14774	17324	26240	59554	9113	7997	7721
ATG49030.1;	OVA2 - rRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	4.57E-03	2.36	43	1	1	ATG49030.1	18992	29767	30181	32521	31107	37807	22054	33270	28818	17015	11680	20976	14250	18822	27291	24986	26882	34519	21699	26358
AT4G29185.1	Domain of unknown function (DUF3588)	1.59E-02	2.39	36

ATCG00840.1	RPL23,1, RPL23 - ribosomal protein L23,1	3.62E-03	3.90	28	1	1		223791	71181	66167	40786	46313	29932	39579	27836	25094	36433	28660	42970	36986	39787	89242	59819	98626	36521	43127	25096		
AT4G18460.1	GGR - geranylgeranyl reductase	2.72E-02	2.86	27	1	1		9092	6326	5860	20030	14995	25864	20863	15376	7585	18091	10545	15771	18202	16784	22227	14282	13712	7439	7984	15580		
AT5G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	1.71E-02	4.17	43	1	1		10023	3346	11237	19632	9289	13747	18737	10036	17352	19372	11811	4355	2781	4068	5258	4471	15419	12409	12574	10830		
AT1G77490.1;	TAPX - thylakoidal ascorbate peroxidase	3.64E-02	2.06	32	1	1	AT4G08390.1	7552	16793	8856	8540	7274	8510	11355	8032	13383	7542	6880	10965	10503	10115	14053	11746	8687	3670	7305	5762		
AT4G21445.1	unknown protein	4.17E-02	2.73	75	1	1		18909	16461	15166	10477	10080	12946	7564	18840	9679	6943	5413	16948	13169	16715	7378	14591	15456	8254	13907	10759		
AT1G06410.1	PTSH8 - PTSH protease 8	8.00E-03	2.96	24	1	1		32093	15329	21941	26358	25990	17159	32583	21188	46967	49509	37995	39474	53209	38536	33859	36604	26350	14113	21303	8927		
AT5G17050.1	UGT78D2 - UDP-glucosyl transferase 78D2	2.65E-02	2.03	81	1	1		42981	23540	38941	50181	58792	46453	64406	50183	42205	78679	61470	55070	73543	60759	45416	62413	36281	46300	33747	23415		
AT3G13920.1	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	4.89E-02	3.28	76	2	2		33963	21033	9044	49360	56862	20871	39183	51727	43455	73477	31739	45519	55377	72330	60006	54548	52160	20212	28779	3824		
AT5G14800.1	PSC8, AT-PS8, AT-PSC1, EMB2772 - pyrroline-5- carboxylate (PSC) reductase	2.99E-02	2.47	42	1	1		3891	6397	7568	11315	13368	10229	11620	13548	9833	15027	14336	11579	6153	9265	3115	10800	7681	11513	17126	12988		
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	4.43E-02	3.43	61	1	1		14215	7143	8933	12534	9879	8258	11216	11936	10767	6813	2869	16099	20749	13020	15189	19449	11177	9865	12048	3035		
AT2G06050.1	OPR3, DDE1 - oxophytodienoate-reductase 3	4.96E-02	5.52	47	3	3		24274	24745	28833	6890	6332	6056	4215	843	9057	9145	23838	10789	12212	27099	6919	6197	29195	12344	5604	15637		
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABA8 - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrir	3.02E-02	2.72	58	1	1		4460	6805	5901	18912	10450	17413	13734	11913	15914	12658	13099	8004	13938	17383	6739	8851	15134	9821	8005	14873		
AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein	2.59E-02	2.28	44	1	1		6039	8724	4669	6732	5048	6585	6177	9689	12858	5149	5838	4527	4057	4540	5194	3281	4130	8374	5273	5639		
AT4G31700.1	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	3.25E-02	3.23	64	1	1		38283	37240	38003	32541	33128	24015	27640	12810	33217	40728	18716	10040	13150	11957	25357	25160	62448	18959	41006	28845		
AT1G55480.1	DET - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	4.78E-02	7.40	61	1	1		14701	25159	19234	6194	19460	5137	10103	1827	5298	16200	7720	28234	8620	7536	15138	4460	33350	2293	2588	3100		
ATCG05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	2.68E-02	3.58	34	1	1		10592	9088	6669	5762	1258	3586	3741	13696	10481	3347	4769	4934	6143	6826	9283	18369	8076	3142	2599	4243		
ATCG02080.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	3.59E-04	3.73	52	1	1		10002	11515	18858	20912	32786	15536	31022	37168	44925	60624	39663	35914	34865	43617	32476	41472	48761	16557	10264	20510		
AT4G31290.1	ChaC-like family protein	1.91E-02	9.64	21	1	1		1337	1065	4257	7211	3382	8362	9267	11978	6884	7151	3010	364	986	1570	702	363	5999	6616	3131	3200		
AT5G57655.1	xylose isomerase family protein	3.17E-03	4.91	43	1	1		10213	6465	4290	3616	5778	3294	1341	1831	1101	3021	3013	3143	1859	3386	3949	4886	2732	1444	2080	3660		
AT3G53380.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	4.55E-02	2.12	26	1	1		6037	5928	11479	8098	9242	5805	6595	7222	7029	4418	4481	2328	6306	4061	7960	5437	6489	6957	9348	10610		
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	3.33E-02	5.80	67	1	1		16031	4879	18900	13248	12591	30836	9764	0	0	3038	17310	3313	11459	29636	7558	2662	24268	5558	4902	14370		
AT1G21130.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	1.46E-05	5.64	31	1	1		6019	8324	6416	8752	6010	5624	3326	4928	2617	3568	4452	5406	9959	5172	1134	1088	1462	5954	3875	4377		
AT4G13360.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	2.41E-02	2.08	78	1	1		5041	3148	3973	4598	5069	5930	6744	5254	8093	6549	5364	3028	2806	3835	3466	2175	5431	7734	4745	5450		
AT1G60860.1	AGD2 - ARF-GAP domain 2	4.85E-02	12.67	21	1	1		12115	17953	13812	6193	25895	4624	4995	16370	679	17778	7118	40247	11199	9453	9730	6315	17526	1335	2517	954		
AT5G47650.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	7.48E-03	20.90	79	1	1		39749	5213	39441	17334	31686	55446	0	0	6034	60844	23248	18834	52535	9196	10731	50786	27895	18811	15734	46178		
AT3G12930.1	Lojap-related protein	2.76E-02	2.57	36	2	2		14640	8794	7912	10540	17331	8034	10972	10952	25070	13677	13258	19126	18778	18465	17661	15769	13452	9111	6908	5913		
AT5G16760.1	Inositol 1,3,4-trisphosphate 5/6-kinase family protein	2.87E-02	2.43	33	1	1		10299	11967	9717	5288	7875	6566	4919	8962	6722	5138	9712	5385	3306	4456	5891	6631	8231	10568	10942	5990		
AT1G43170.1	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	3.02E-02	2.65	28	1	1		6198	4351	4206	5186	6596	2765	3807	3059	3971	7387	2915	8033	4851	5672	4868	6067	7406	2362	1792	2837		
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	4.24E-02	Infinity	38	1	1		0	17	1380	258	491	159	207	404	88290	680	0	0	0	0	0	0	3	488	55	0		
AT5G09510.1	Ribosomal protein S19 family protein	5.18E-03	2.59	23	1	1		6173	8403	4666	3990	6192	3745	4022	4602	5308	4662	4006	7652	5647	6036	7848	9277	8564	2061	3304	4553		
AT1G48850.1	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phosphotyase, putative	4.78E-02	3.72	25	1	1		4465	2217	1799	1795	2358	1669	1819	1799	4867	3921	1978	3311	1868	1344	3547	2152	3662	172	2059	286		
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	2.33E-02	20.04	74	1	1		24000	38312	21232	13027	9683	15750	1491	3296	3385	679	2100	1942	12	3997	8820	6202	2556	15323	31941	11934		
AT3G02720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.41E-02	3.33	28	1	1		9464	5114	15011	4749	4119	3870	5953	5297	9788	10872	17414	12888	12922	13831	10296	8325	8686	7385	5295	1807		
AT1G15250.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	3.57E-02	8.94	62	1	1		2329	7328	1095	1638	1214	1711	1315	3286	1173	2905	1506	9438	3436	1762	3408	5743	13175	910	468	1121		
AT1G31860.1	AT-IE, HISN2 - histidine biosynthesis bifunctional protein (HISIE)	1.57E-02	3.19	21	1	1		4031	5466	2913	6955	4661	6522	5906	5867	5484	6349	6681	1787	2415	1931	1578	2399	6206	7287	3229	6618		
AT4G30810.1	scpl29 - serine carboxypeptidase-like 29	2.57E-02	2.54	71	1	1		8613	3349	7715	7157	11620	8899	9751	7378	17984	12622	10677	14020	11146	14131	6911	10651	7752	5040	4768	5673		
AT1G30580.1	GTP binding	1.89E-02	2.77	36	1	1		16065	14588	24663	16470	19184	25721	21109	15599	19198	17856	8653	13360	11335	8465	21733	11596	23334	25239	36919	29720		
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	2.13E-02	6.16	23	1	1		4434	5317	11207	1221	1998	672	1208	814	2906	2205	4827	1810	1306	2709	4346	4974	14644	1490	2422	8345		
AT1G79500.1	AtkdsA1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	3.88E-02	2.12	67	1	1		4288	4081	5714	4310	3644	4269	3770	2017	2782	3050	1411	2900	4492	4234	3069	4666	4240	5442	5109	3658		
AT4G29120.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	1.14E-02	3.14	73	1	1		6460	4000	6779	2939	5254	4270	2104	2223	3519	7207	8392	4668	10550	3706	3778	6102	7426	2939	1722	2801		
AT1G75690.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	3.14E-02	8.05	53	1	1		79516	5242	18586	9383	17139	18351	12832	0	0	50637	8066	11658	8212	5830	9766	9580	16743	3470	4107	8090		
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	4.14E-02	8.26	66	1	1		5752	4739	1474	8615	9930	14579	14417	3316	11303	18888	42400	8990	20198	16955	34646	5018	5373	4771	4794	1560		
AT3G05590.1	RPL18 - ribosomal protein L18	3.60E-02	84.93	26	1	1		0	0	180	1684	1848	810	1869	0	11239	4422	4144	3972	9213	2107	5344	7740	2173	2906	2785	6339		
AT2G17660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.52E-02	Infinity	38	1	1		0	308	0	1673	3304	0	0	1337	19446	1380	460	0	0	0	1878	831	1443	0	0	0		
AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	4.57E-02	9.13	24	1	1		9478	7250	3122	8190	3501	2202	2809	2586	6878	2275	4050	6284	4970	6724	9004	25507	2630	252	3603	213		
ATSG04590.1	SIR - sulfite reductase	5.21E-03	Infinity	20	1	1		0	4604	0	994	1031	0	1200	8147	1790	0	0	0	0	0	0	0	0	6907	1013	854		
AT5G08943.1	ARM repeat superfamily protein	1.97E-02	2.37	50	1	1		3954	4522	4908	3562	3598	3223	2931	1952	765	4428	3034	3153	3476	3901	3573	4153	4264	3460	4349	4468		
AT4G37990.1	ELI3-2, ELI3, ATCADB, CAD-B2 - elicitor-activated gene 3-2	9.13E-03	4.90	94	1	1		16721	21857	27808	4149	5389	3809	6965	4729	6640	8361	13554	3951	5458	12739	5779	3377	12604	10648	6249	9537		
AT4G30310.2	FGGY family of carbohydrate kinase	1.46E-02	5.07	26	1	1		3450	1672	2447	3805	3338	4795	5960	3846	8563	3877	3311	1786	401	1438	2284	1671	5595	4475	4288	3013		
AT1G58280.1	ATHA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	9.65E-04	Infinity	22	1	1		0	0	0	7091	3686	2738	0	884	12051	15709	5820	4034	3458	8994	10313	5360	15143	415	818	4584		
ATCG00790.1	ATGCN1, GCN1 - ABC transporter family protein	3.19E-02	3.40	41	2	2		8643	5025	3667	4302	12813	7955	12967	6410	22175	12333	15898	14677	18591	19798	13657	15841	10769	6912	6897	1806		
AT2G21660.1	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	1.99E-03	408.10	80	1	1		44	562	2133	0	310	0	0	0	287	21	107	18395	18407	5581	11812	14956	51373	51	50	308		
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGS1.1 - glutamine synthetase 2	8.76E-03	3.33	50	1	1		23674	11922	17741	14550	12690	9308	10287	10556	5196	6024	4658	16755	16348	12537	7887	17818	11441	6958	8759	3985		
AT4G29350.1	PFN2, PRO2, PRF2 - profilin 2	1.04E-02	43.70	61	1	1		1724	0	0	1214	9775	64373	17292	1682	5804	2415	2456	8377	10959	21271	6465	2067	2683	7202	6780	5871		
AT3G56460.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	4.28E-02	2.93	43	1	1		1003	2126	1528	1535	425	1159	1128	1139	1619	1653	1380	1998	2705	2487	3043	2794	3294	2765	1535	893		
AT1G24180.1	IAR4 - Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	5.71E-03	Infinity	41	1	1		9885	11412	1158	3388	2813	0	10404	3637	14476	8580	4095	5278	2245	1627	0	0	0	2137	0	0		
ATSG51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	1.17E-02	3.78	22	1	1		3601	1920	1694	2260	3186	1629	1969	1328	3181	5002	2821	2679	4156	3317	3081	4490	2301	724	1368	1015		
AT1G34760.1	GRF11, GF14 OMICRON, RHS5 - general regulatory factor 11	1.75E-02	3.69	26	1	1		9056	5683	6557	10330	9964	11564	8004	7291	14980	16643	27004	12484	28037	9340	6943	14239	10960	7347	4563	5810		
ATSG53460.1	GLT1 - NADH-dependent glutamate synthase 1	4.03E-02	3.91	30	1	1		450	698	1587	2206	1768	838	2114	447	919	4734	2387	1955	1158	1957	3444	2218	3089	1925	1781	1587		
AT4G25110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	2.91E-02	2.50	46	1	1		2702	3529	5590	3220	3414	3124	4232	4006	4160	2172	1267	2983	5479	3318	4514	2899	5476	1958	3421	1572		
AT1G48860.1	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	5.26E-04	Infinity	65	1	1		748	1177	1703	1623	1297	1840	1233	752	2248	1701	1166	0	0	0	0	0	1778	1418	1376	980		
AT2G33845.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	3.18E-02	5.83	48	1	1		2491	3774	3863	4308	3046	5768	5035	6724	4063	3947	5183	935	1402	378	0	0	4804	3141	3862	4672		
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	7.29E-03	Infinity	43	1	1		0	0	0	0	0	5681	0	0	0	3810	5248	11247	5039	5222	0	0	0	0	0	8289		
ATCG66190.1	ATLPNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	4.36E-02	3.09	55	1	1		1188	1585	2150	3381	3223	2760	3346	1995	2466	4895	2679	1759	1151	767	1865	1278	2245	3333	4333	1224		
ATSG48880.1	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	4.14E-02	Infinity	31	1	1		7277	0	2239	1089	2381	4840	0	0	0	2615	9275	2928	0	0	0	3507	8318	0	0	0		

Tabelle B4-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit CoO-Kit

									Normalized abundance															
									0h			2h			4h			6h			8h			10h			24h		
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest mean	Lowest mean	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
ATCG00490.1;ATZG07732.1;ATMG00280.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylase	5.90E-01	1.09	4467	67	67	24h	0h	2032509922	2092823518	1965742487	1879077503	1884163549	2233077077	2085674490	1884037764	2140071647	1745152819	1995208032	1691015623	1866611010	2072359056	1810864612	1983653658	1885441051	1941855458	1951788874	2224483578
ATAG13010.1;ATAG13010.2	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	2.12E-01	1.20	3168	55	27	24h	0h	15941335	21207538	20391175	20711357	22308886	20379730	20757796	21626470	22317881	20325828	20415064	19810128	23961085	18636279	16088964	18930268	18822754	23083773	21508282	20204020
ATCG17020.1;ATZG43800.1;ATSG29980.1	ATCMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	8.36E-02	1.13	3378	45	23	24h	8h	30518655	28205809	28507098	30231588	31005060	28542830	30557616	31048203	33479334	33132690	32345349	27344783	30558465	28910863	29836664	31396257	31909089	34693470	34373731	29375931
ATG2260B0.1	AtGLDP2, GLDP2 - glycine decarboxylase P-protein 2	2.76E-01	1.19	2417	43	15	24h	0h	3295850	4457991	4047854	4272607	4316311	3907501	4077311	4263849	4776489	4137800	4251948	3754141	4469209	3714467	3888687	4369866	4244999	4728896	4647330	4613222
ATAG29060.1;ATAG29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	5.65E-01	1.14	1842	37	37	24h	4h	9201777	8717141	10049727	7525639	8515672	9713087	9048679	8613825	7289934	8184548	9185108	8035475	9509217	8669953	8359761	9803713	8337328	9406803	9526747	9562326
AtG627930.1;ATG626780.1	SHM1, STM, STM1/T1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	3.60E-01	1.11	2523	39	37	24h	10h	35593101	37138726	35888472	41342056	38725321	37936571	40965667	37364232	34417847	38395879	35527051	38024216	40297720	34891795	35740275	38738421	33279200	40367769	39605999	38767621
ATG525980.2;ATG525980.1	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	6.69E-01	1.28	2273	34	34	24h	0h	19459787	24468569	22295120	18571480	18577749	25800763	17047525	19487207	21380903	17520914	23936417	18458497	14841431	20752783	13274153	16831651	22546586	19449087	19741220	30441698
AtG624280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	4.77E-01	1.20	1565	28	16	24h	0h	2925842	2910836	3414324	2879974	2979693	3313953	3179938	3014293	3146839	2639219	3104574	2428611	3463695	3130789	2863636	3192039	3198658	3570294	3363575	3423818
ATG529320.1	Glycosyl transferase, family 35	4.22E-01	1.13	1391	27	25	24h	0h	2252104	2104551	2202560	2537838	2179727	2210576	2243748	2173277	2239673	2157014	1954799	2299756	2388720	2155290	2251870	2364168	2064387	2412720	2133466	2442039
AtG625710.1	ACO3 - aconitase 3	1.72E-02	1.28	1405	29	29	24h	0h	1834111	2122863	2104702	2331843	2007319	2040489	2048963	1945638	2074641	1894593	1929914	1950567	2184337	1830078	1777234	1979230	1857915	2436187	2196551	2579951
ATG529310.1	Aldolase superfamily protein	7.90E-01	1.26	1614	29	12	24h	6h	5188144	4192466	3060232	4226978	4345337	4120713	4579433	2979194	4880256	3241388	3921794	3845622	2905889	4075301	5274458	3545462	3698829	5093247	4008463	4426236
ATG526650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	5.55E-01	1.20	1912	29	9	24h	0h	28017472	34191893	31276131	31210324	31433307	34755389	35534794	27631877	20279445	30869017	25464875	29212913	21756223	30066368	23572417	30108520	29813021	30699880	30282263	36449819
ATG526530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	2.75E-01	1.17	1746	29	29	24h	8h	16361983	16449984	15102137	17264479	15924723	17650095	17672253	16760003	14834905	15805981	15068305	14832462	16397153	16025943	14795628	19124309	18228294	19435826		
AtG624620.1;ATG624620.2	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	9.94E-01	1.06	1191	23	23	24h	6h	1821219	2196567	1965158	2048820	2018341	1867873	1854986	1844937	2231686	1946169	1864242	1887600	2037726	2017333	1913084	2062545	2036028	2269920	1814371	1960500
AtG626200.1;ATG626200.2;ATG626200.3	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	8.04E-01	1.18	1761	23	7	24h	0h	2495713	3892657	3817722	3028512	4270040	4003241	3813590	3465435	4487206	3583753	4069974	3638422	3926846	4121819	3578247	3340345	4136143	4458404	4038435	3589898
ATG529020.1;ATG579930.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.34E-01	1.11	1404	23	23	24h	0h	1849072	1637272	1938370	1857045	1779576	1758536	1901460	1851164	1900294	1992372	1985319	1889445	2092710	1916093	1933331	2109977	1860228	1912894	1975643	2104912
ATG508590.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-phosphoglycerate-independent	3.48E-01	1.33	1031	22	16	24h	0h	1018453	1232606	1321980	1307904	1396996	1329022	1371741	1191259	1847372	1485016	1404063	1439740	1540038	1466310	1509355	1449340	1337009	1954491	1554151	1259522
ATG504120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	4.05E-02	1.40	1434	25	1	24h	0h	2238966	2715297	2083815	3210060	2865338	2749881	2793424	2933740	2308850	2826877	2759386	2764772	3213585	2460044	2712008	2866933	2656885	3313879	3488811	3041783
ATG646970.1	ATPH2, PH2 - alpha-glucan phosphorylase 2	7.36E-04	1.34	1317	20	20	24h	8h	1154239	1095102	1476611	1529835	1399206	1301436	1118776	1160980	2904499	2882460	2481015	2695235	2286208	2551570	2695469	2842436	2944889	3313275	3270749	3509577
ATG509840.1;ATG503230.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	4.34E-01	1.32	1032	19	4	24h	0h	379909	325855	435486	490703	435647	336497	411315	300525	457013	413301	360546	456871	505211	428668	353350	459317	475826	619254	412836	473984
ATG224200.1;ATG224200.3	Cytosol aminopeptidase family protein	7.32E-02	1.28	1069	18	11	24h	0h	2585938	2659459	3142841	2903340	2843113	3167849	2581527	2693432	2485740	2667290	2480016	2760853	2924585	3061910	2024848	2570933	2989940	3212003	3024713	3493011
ATG509820.1;ATG509820.2	ADK1, ATADK1 - adenosine kinase 1	7.58E-01	1.16	1059	17	7	24h	8h	1929572	1916927	1642609	1886535	1797439	1648420	1866236	1903399	1536202	2031728	1549450	1817397	1557545	1480531	1656527	1815172	1583527	2136766	1898647	1592589
ATG525880.1	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	8.53E-02	1.16	1317	19	19	24h	0h	5798972	5895455	5257294	5809294	5899881	6002805	6046810	5326433	5536412	5292787	5800772	5686291	5445484	5964055	5527425	5564889	5345645	5387781	6376207	6880738
ATG577220.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	9.19E-01	1.16	1204	19	10	24h	0h	2762036	2180702	2385289	2464712	2360458	2772195	2416351	1989459	3502333	2466468	2712326	2143496	2696794	2759226	2146595	2754122	2524149	2510922	3016524	2987354
ATG509780.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	1.42E-01	1.24	811	18	12	24h	0h	1395270	1215519	1250837	1364261	1392267	1243729	1263900	1273344	1112602	1374625	1049977	1214461	1089694	1128087	1134732	1358141	1103884	1456078	1455921	1342572
AtG620850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase II	6.80E-01	1.25	674	16	16	24h	6h	417110	586658	492988	461178	379770	495753	468448	414150	557101	424701	419258	392105	491305	565535	408095	550430	521716	534277	557511	491541
AtG621280.1;ATG621280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	9.56E-01	1.17	1145	19	16	24h	0h	59523418	53165450	57958421	45073583	56068219	65171682	53390859	53921841	74062609	44648849	60206202	49243825	50690568	69022224	52104448	57551394	55708284	46232367	62918931	75427038
AtG616080.1	unknown protein	6.46E-01	1.10	869	17	16	24h	8h	1416493	1584294	1497480	1547725	1451779	1512621	1584750	1408778	1454201	1555160	1467283	1460889	1421001	1461715	1410072	1706840	1430337	1657342	1645539	1480681
ATG504590.1	SIR - sulfite reductase	4.07E-01	1.13	1183	17	15	24h	8h	2416262	2467759	2676748	2411057	2431087	2460336	2433417	2361232	2511556	2547176	2458281	2227967	2259308	2544592	2400040	2415157	2287802	2840184	2267627	2803592
ATG179550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	8.02E-02	1.23	1025	16	14	24h	10h	3562133	3453206	3846585	3264968	3424169	3838986	4039671	3874259	3821118	3841220	3190939	3472775	3762586	3590028	3183063	3243588	3624590	4350637	3607240	4436012
ATG520720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	6.16E-01	1.20	968	14	14	24h	0h	20376734	17361547	19111968	18092755	16886027	20942480	18447688	16993341	22578583	17213053	20402440	17902377	18323906	18073941	16925796	19073085	22293561	17583386	19666927	
AtG521170.1;ATG521170.2	TIM, PDTIM - triosephosphate isomerase	1.58E-01	1.18	946	16	16	24h	0h	1045149	1018278	1052359	1045808	1058046	1060224	1020828	1049292	964962	1089283	992625	1038409	1066788	875871	947416	1000178	1134376	1066403	1107185	
ATG503300.1	ADK2 - adenosine kinase 2	1.41E-01	1.28	805	14	4	24h	0h	345191	292117	304437	361943	313490	254241	324423	339076	303731	332839	351502	282249	318807	276521	253029	274010	320366	393843	327391	370027
ATG135160.1;ATG135160.2	GRP4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	4.57E-01	1.30	1104	13	12	24h	8h	93680	172417	110758	130409	99703	103604	131193	94987	124311	112384	105707	125138	111716	101231	114985	144762	148331	135078	140580	
ATG509810.1;ATG421710.1	ACT7 - actin 7	4.51E-01	1.11	949	14	4	24h	0h	1672780	1591212	1596728	1636749	2016597	1722223	1912694	1859540	1982512	1612564	1851319	1420812	1606482	1669742	1615874	1757775	1798098	1824769	1995601	
ATG543940.1;ATG543940.2	HOT5, ADH2, GSNOR, ATGSNOR1, PAR2 - GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	2.16E-01	1.14	894	15	24	24h	8h	5118255	5856812	5801326	5315331	5623053	5128011	5202348	5355483	4838713	5559608	4913775	5375320	5725594	5249353	5379921	5510383	4678468	6153382	5612690	5787284
AtG626970.1	ACO2 - aconitase 2	5.97E-01	1.21	740	14	10	24h	0h	663547	665388	781390	701520	653442	702301	617777	615758	847683	642517	746785	659554	686354	796217	621181	649038	660507	746678	699465	885158
ATG617290.1;ATG727330.2	AtaRT2 - alanine aminotransferase	4.22E-01	1.09	685	14	11	24h	0h	1132424	1086223	1264701	1245755	1247054	1208040	1117930	1102708	1047104	1250840	1168991	1101545	1185282	1078954	1387415	1100187	1151248	1198822	1264616	1152199
ATG516970.1;ATG626320.1;ATG516980.1	AT-AER, AER - alkenal reductase	4.97E-01	1.39	746	15	8	24h	0h	618749	507624	863899	547527	687232	638871	695805	538687	812743	629886	812104	617759	682290	830678	406954	542674	704357	757113	676328	857492
AtG578300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	4.19E-01	1.76	1061	15	13	24h	0h	82766	274601	222920	216210	245222	190172	230134	224349	310315	214904	160958	149843	247485	253984	150168	255101	301514	327356	407373	258707
AtG507610.1	AGS5 - adenylosuccinate synthase	2.92E-02	1.36	616	13	13	24h	6h	1012224	1204602	1135499	1122886	1061979	1076047	1078458	1164914	1131887	1001923	820476	1095720	1260488	1027831	969619	1012952	1114496	1277319	1215314	1224068
ATG537600.1;ATG516570.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	6.86E-01	1.42	990	15	4	24h	0h	170974	196444	289214	177422	200363	199523	171153	183297	243075	174059	232944	157964	167708	206485	187832	252831	191368	175525	338098	239526
ATG626030.2;ATG626030.3;ATG626030.1	ROC4 - rotamase CYP 4	2.31E-01	1.24	1210	19	19	24h	0h	22723308	28107651	24529453	24892567	22067543	26179480	24171191	27468124	27088910	24533109	25225224	22750251	26211831	22483648	18145269	25030836	23556989	26898120	27035753	28685328
AtG515440.1	ATCTMC, TMC - triosephosphate isomerase	3.43E-01	1.16	804	13	12	24h	0h	8209265	7271543	8368787	7919618	8204837	8572445	8013755	7881798	10020511	7861193	8346808	7407681	7563210	7760013	7412283	7226462	7480981	8435130	7940887	8355440
ATG520010.1;ATG520020.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein 1	1.07E-01	1.23	581	12	12	24h	0h	3888892	3002829	3623058	3390438	3401910	3115946	3584267	3729600	3926799	3683453	3508142	3042153	2908430	3349922	3813938	3747320	3254715	3467810	3746671	4189238
AtG622300.1;ATG622300.3;ATG622300.4	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	4.55E-01	1.20	613	12	8	24h	6h	808583	866103	692031	815492	764207	789979	881473	728890	576580	785578	566393	749554	684841	717149	697068	713502	664853	753102	813016	870295
AtG516710.1	DHAR3 - dehydroascorbate reductase 1	6.00E-01	1.13	744	13	13	24h	0h	3584408	3586583	3200133	3400906	3402073	3543730	3288184	3409655	3337496	3231481	3558618	2995468	3758641	3544712	2746105	3462082	3244814	3399009	3535074	3731952
ATG516790.1;ATG525880.1;ATG79750.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	6.76E-01	1.23	703	12	12	24h	0h	2526393	2874348	2303554	2487940	2435903	2629001	2457562	2430858	2843397	2313753	3075029	2922032	2723792	2663082	2938134	3145838	3647659	3685867	3541584	
ATG501480.1;ATG501480.2	CYP38, ATCYP38 - cyclophilin 38	2.61E-01	1.16	992	12	12	24h	10h	4853973	4675553	4466194	4456192	3984859	4935800	4197956	4283458	4485983	3877550	4573647	3658883	4216857	4528108	3820308	4266250	4082731	4273859	4764516	5090174
ATG548990.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	7.51E-01	1.14	564	13	11	24h	0h	1050133	1074261	1021520	1157372	1050664	964409	1195214	953319	985664	920515	1016270	977058	1034987	1064766	1084367	950264	992520	1188064	1162607	962390
AtG503970.1	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	6.74E-01	1.28	567	13	9	24h	0h	1215546	1499081	1189911	1536098	1337372	1479461	1376943	1458526	1407138	1299203	1290918	1348970	1493754	1238715	1734390	1345319	1510259	1459126	1601904	
AtG241680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	3.12E-01	1.20	714	12	12	24h	0h	1432820	1560957	1460491	1603188	1406113	1503153	1396421	1439269	1476857	1443729	1330084	1263251	1530026	1555696	1475620	1482202	1480238	1571653	1656353	
AtG414040.1	EDA38, SBP2 - selenium-binding protein 2	6.50E-01	1.24	558	12	7	24h	0h	480478	521527	652619	572077	560023	533586	547361	524047	388396	601882	469032	553383	483221	570127	541053	502247	587005	718560	537665	556045
ATAG19410.1;ATAG19410.2	Pectinacetylesterase family protein	9.41E-01	1.50	679	12	9	24h	0h	661049	674840	1041863	511915	612082	813898	431026	547258	1047301	891505	1103654	580107	607430	825728	350748	489069	834762	374084	948954	1189111
ATG708201	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	9.87E-01	1.09	552	12	12	24h	0h	521735	731166	689842	670427	616461	649186	681359	647492	524042	699757	585812	628216	741223	630530	497467	726887	741036	667951	674586	680585
ATG374260.1	PUM4 - purine biosynthesis 4	1.79E-01	1.19	412	11	11	24h	2h	364984	424988	421244	413057	380319	389160	427128	442971	387713	380637	326817	379099	402611	363659	397627	365457	390552	427439	379896	451834
AtG503610.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	6.41E-01	1.32	737	12	11	24h	0h	491415	462570	609459	448443	467839	552209	501463	444610	716547	500097	684237	430691	528990	589701	400886	519482	708057	582952	660424	700651
AtG502520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	2.44E-01	1.35	938	12	12	24h	8h	83725	78589	75415	65780	77308	55999	93593	52174	76426	76987	73284	79631	79253	88682	100224	80618	78028	82845	95996	89053
AtG602520.1;ATG602930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.36E-01	1.36	552	10	8	24h	0h	5461427	4437828	4168236	3490964	4284376	3853751	3783820	4318310	5198854	3282947	4208950	3939329	3769833	4044778	2985086	3614365	3815473	4048729	4335379	5732006
AtG511840.1;ATG511840.5;ATG511840.6	ATGLX1, GLX1 - glyoxalase I homolog	3.47E-01	1.18	508	10	9	24h	0h	1229826	1590046	1310372	1151891	1418069	1310372	1193439	1220307	1266801	995054	1127425	1381990	1205087	1044493	1243316	1058926	1071567	1170992	1269839	1217705
AtG555330.1	PP11 - PsbP-like protein 1	7.92E-01	1.21	606	10	10	24h	0h	1728345	2288086	1906245	1930336	1850184	2280091	2156425	2259128	1942278	1874846	2095424	2011632	2267592	1986981	1417177	1958802	2038663	2181422	2372724	1979365
AtG625530.1;ATG625530.2	GHBDH, ATGHBDH, GLYR1, GR1 - glyoxylate reductase 1	4.76E-01	1.11	818	11	11	24h	0h	1808079	1852622	1807860	1916978	2002684	1733138	1922126	1847409	1543536	1889461	1879217	1845995	1843838	1714651	1775910	1892337	1756085	1945378	1882241	2048746
AtG524067.1	Subtilase family protein	5.93E-01	1.28	567	10	9	24h	0h	1451420	2053646	1858894	1685605	1741985	1723610	1683872	1691223	2071208	1583198	1622822	1634501	1564987	2120537	1310023	1670543	1893776	1984210	1891776	2185098
AtG523600.1;ATG623600.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.26E-01	1.13	784	11	11	24h	4h	2716124	2403555	2405537	2583573	2661303	2600818	2584691	2349676	2293718	2395205	2866106	2658505	2673686	2559741	2391218	2507694	2566039	2734959	2496696	2942784
AtG535590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	1.26E-01	1.72	353	10	10	24h	0h	123791	185946	73305	174685	192859	108505	205073	211519	184250	172426	171862	153030	196616	157467	147949	170605	149338	200413	253155	204204
AtG552990.1;ATG52990.2	Pyruvate kinase family protein	2.06E-01	1.23	547	10	4	24h	0h	406538	460084	427758	454858	459003	391842	489029	472268	418712	400891	452289	470027	350834	417315	535386	450214	455040	532798	452817	537786
ATG543330.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	8.35E-01	1.39	651	9	2	24h	6h	35864	43053	12380	51002	30487	42839	31943	42994	57039	34715	34534	41636	31286	51170	26584	48917	61686	33842		
ATG515020.1;ATG515020.2	mMDH2 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	5.04E-01	1.64	643	10	2	24h	0h	89756	73194	79457	67810	43775	64715	46357	69140	43104	50136	54325	73439	30366	77951	91341	43290	39924	104285	50107	102824
AtG302301	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	9.91E-01	1.10	483	9	6	24h	0h	1095507	1185787	1048393	1219553	976724	1274670	1252406	1251971	924072	1128096	1128236	1118286	1247872	1025866	906825	1216484	1162436	1447130	1005084	1120271
ATG506050.1	PRXIIF, ATPRXIIF - peroxiredoxin IIF	2.12E-01	1.23	343	9	9	24h	0h	1291265	1159825	1099990	1406230	1244084	1378672	1233573	1302137	981729	1198771	1243924	1070920	1268495	1289749	1184870	1312527	1153447	1338575	1541507	1488868
ATG247510.1	FUM1 - fumarase 1	5.35E-01	1.47	569	9	7	24h	0h	118449	129257	105176	113671	78961	100838	98676	135223	140462	99528	111764	93539	69996	99561	132698	139083	52956	112661	151687	121832
ATG318060.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.15E-01	1.26	406	9	9	24h	0h	545689	454187	447807	555545	499122	506307	561798	475753	494329	513018	417433	496243	543942	506073	476095	543491	472830	555320	584718	618082
AtG548690.1	ATCX12, CXE12 - alpha/beta-hydrolases superfamily protein	1.08E-01	1.23	520	9	8	24h	8h	748036	634889	678566	678217	685222	581424	718526	692713	743463	624281	656767	695285	548543	610927	616841	611316	680605	689981	678172	870311
AtG666410.1;ATG627030.2;ATG666410.2	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	1.34E-01	1.39	670	10	3	24h	0h	1115799	852083	997955	709983	819848	937784	839833	1004744	695939	948833	949825	848390	542023	862004	616868	769765	857525	1086606	1101323	922209
AtG627030.1;ATG641110.2	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	2.70E-01	1.47	586	8	8	24h	2h	619632	722067	863086	770150	636884	818859	733427	745315	1187399	715920	806032	643892	778844	702076	521136	742103	692971	1210479	776850	883463
AtG644870.1	PRS, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	9.05E-01	1.27	420	8	8	24h	0h	2946792	3427516	2546760	2966983	3230237	2982927	2951745	3122063	3655055	3052484	2888089	2360258	3093805	2529722	2563189	2731595	2664256	2900372	2526557	3590668
AtG635450.1;ATG635450.4	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	8.88E-01	1.15	465	8	8	24h	0h	2223843	2378071	2621028	2204639	2630904	2011545	2494022	2101472	2456835	2304918	2584586	1998924	2646449	2385593	1706558	2528521	2723857	2465858	2836021	2546496
AtG274920.2;ATG274920.1	ALDH10A8 - aldehyde dehydrogenase 10A8	1.73E-01	1.21	410	8	8	24h	0h	1016113	1029503	1081479	1107446	947775	1034287	1073183	917516	1068787	950105	1034252	973852	918738	997651	847183	952948	1101492	1118275	1160018	1207686	
AtG505010.1;ATG312010.1	EFE, ACA4 - ethylene-forming enzyme	6.42E-01	1.44	351	8	8	24h	8h	467572	388339	376134	335921	344863	340683	384188	340596	450975	385659	367031	314429	317633	308397	384098	348671	389755	431510	423110	421209
AtG179440.1	ALDH5F1, SSADH1, SSADH - aldehyde dehydrogenase 5F1	5.51E-01	1.29	419	8	8	24h	0h	397535	406930	402943	437639	409956	378527	433941	423990	214401	362921	336641	400385	418416	404700	290926	426033	419044	452450	463037	442315
AtG564640.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	4.62E-01	1.24	358	8	8	24h	8h	260100	305679	322589	273366	286892	353936	270255	219684	351196	248347	323533	293521	263175	268153	301778	261893	290785	351597	334073	334414
AtG213560.1	NAD-ME1 - NAD-dependent malic enzyme 1	1.10E-01	1.29	303	8	8	24h	0h	211888	219563	211258	214643	242603	197433	210547	198720	251104	200782	195875	185563	242229	188173	220891	229768	215523	261716	268204	237926
GDCH - glycine decarboxylase H	1.02E-01	1.84	634	9	9	24h	0h	1418660	1810603	1568783	1584564	1239164	1593465	1705164	1748893	1574919	1303640	1514487

AT5G29360.1;AT1G26570.1;ATSG15490.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.82E-01	1.32	356	7	7	4	10h	0h	0h	251457	250423	229739	341513	326319	280417	337531	315584	248680	316365	174476	309356	286928	249592	348102	340816	279496	387908	271680	285361
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	1.27E-01	1.52	293	7	7	7	10h	0h	0h	420289	309696	369253	508093	426955	406855	493703	560575	451101	649781	377408	453491	384160	470985	653344	530996	483710	434544	326896	446441
AT4G33030.1	SQD1 - sulfoquinovosyldiacylglycerol 1	1.62E-01	1.28	413	7	7	7	10h	0h	0h	195454	132249	174963	176070	213171	177215	202291	178958	261295	204708	212834	231383	187717	218898	217278	212314	212932	178420	178238	175204
AT3G14610.1	TWN2, VAL8S - valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VAL8S)	8.54E-01	1.18	334	7	7	7	10h	0h	8h	537439	396435	473407	460984	583306	344715	471828	421774	426044	499294	462635	506659	305443	436337	510803	477039	484360	461694	499280	433617
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	8.46E-02	1.45	305	7	7	7	10h	0h	6h	342158	337603	233771	300528	328746	224762	309103	330444	296967	292523	241278	403955	317738	404782	364656	450237	348337	220350	296202	327281
AT5G64460.1;AT5G64460.5;ATSG64460.7	Phosphoglycerate mutase family protein	5.73E-01	1.21	274	7	7	7	10h	24h	24h	415610	287775	322953	317700	328474	313783	352404	366051	422787	434655	357262	369998	343312	357274	436655	422220	335381	356721	343772	288466
AT3G27830.1;AT3G27850.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	3.73E-03	1.82	341	6	6	6	10h	0h	6h	3349203	2239818	2247630	1645834	1301079	1713473	1344536	1753247	1513122	1393183	1480075	1869264	1821253	2011850	2335734	3339465	2177632	1710877	1181553	1782655
AT1G48350.1	Ribosomal protein L18ae/Lx family protein	6.67E-03	1.80	280	6	6	6	10h	0h	6h	969761	824450	764043	526890	498437	644460	539725	494279	528340	515352	444060	537265	458189	669693	866565	693702	770534	615951	344381	688221
AT5G02090.1;AT5G59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	2.86E-01	1.71	266	6	6	6	10h	24h	24h	394128	403459	311700	280474	320943	280010	298453	344230	299782	358282	258097	406551	252240	378642	321786	672131	460277	234294	184204	432306
AT4G31700.1;AT5G10360.1;ATCG13700.2	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	2.91E-01	1.54	385	6	6	6	10h	0h	24h	611593	485385	342292	417068	452200	354059	420841	416992	327275	492631	357116	510723	342019	448238	469186	667801	543617	319345	289423	479270
AT3G11510.1;AT3G52580.1;AT2G36160.1	Ribosomal protein S11 family protein	5.64E-01	1.55	235	6	6	6	10h	0h	24h	861669	670865	389501	519545	635146	471328	528249	403158	649395	654789	710844	433557	649632	592297	869742	801874	374975	401416	683177
AT5G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYR6-F) (UMPS)	1.62E-01	1.28	334	6	6	6	10h	24h	24h	215271	220466	160983	188316	186763	194684	303618	205903	206377	222837	199406	215580	211912	195942	276158	214397	246032	205945	174192	175081
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	4.11E-02	1.78	339	6	6	6	10h	0h	4h	118025	84184	100825	96641	107347	91133	101547	123549	55095	165012	101523	131064	142818	91982	171492	199510	127498	175719	150953	169325
AT3G25230.2	ROF1, ATFKBP62, FKBP62 - rotamase FKBP 1	9.55E-01	1.21	280	6	6	6	10h	0h	0h	240191	160147	161532	141274	193287	149346	170650	119205	235465	172100	182776	133583	204602	165466	208516	173327	180219	202583	191262	110841
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-MA, ATM4 - thioredoxin M-type 4	6.07E-01	1.26	345	5	5	5	10h	0h	4h	2930741	2332629	2625260	1996895	2204209	2913571	2070462	1795555	1611146	2093373	1271525	2015297	2549883	2728300	2624135	3027781	3011629	1827286	2044165	3166422
AT4G03520.1	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	4.97E-01	1.18	314	7	7	5	10h	0h	0h	2434412	2089414	1827963	2154075	1972984	2332106	2380564	2175783	1887871	2052432	2147006	2232457	1701842	2083388	2324169	2085668	2070114	2020389	1666338	1802215
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	3.53E-01	1.39	468	5	5	4	8h	0h	8h	203472	169264	277092	352046	256919	247571	232119	282388	248298	306139	235915	207790	193070	239684	293072	312048	282222	319193	156075	253894
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	4.80E-04	1.69	283	5	5	4	10h	0h	6h	1331930	964882	877837	614564	625212	753182	624162	621705	678782	712962	586552	681338	646048	756875	961311	1256543	1029338	831405	733102	699382
AT5G01540.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	8.60E-01	1.12	541	6	6	6	10h	0h	6h	1239308	1348393	1203499	1214937	1308866	1385912	1310171	1344449	1013573	1037660	1083168	1342653	1126829	1448474	1222699	1303727	1251559	1427680	1245548
AT1G76080.1	ATCDP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	1.20E-01	1.35	299	5	5	5	10h	24h	24h	403800	326473	321813	398327	356893	466284	395876	417002	323905	418670	380717	469468	442661	368495	427114	470036	426969	271946	314731	396432
AT3G12490.1	ATCYS8, ATCYS5, CYS8 - cysatin 8	5.52E-01	1.21	236	5	5	4	10h	0h	4h	687031	653146	739215	740699	598868	727732	667334	712382	382850	590076	639997	590261	675963	637327	763987	744934	630631	645040	707290	765254
AT2G21385.1;AT2G21385.4;ATZG21385.1	unknown protein	8.43E-01	1.18	181	5	5	5	10h	0h	6h	199036	179737	209475	191750	208295	207350	189295	192757	185156	217134	198264	143046	184340	215261	162078	212417	216726	175499	206144	154743
AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	2.82E-01	1.45	202	5	5	4	10h	24h	24h	444949	487065	374544	424298	392467	320286	426003	394545	452230	396171	419370	378751	350452	500339	445225	678194	517161	317428	329665	483922
AT4G27440.1;AT5G54190.1	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	1.50E-02	1.74	343	5	5	5	10h	0h	0h	189012	172543	269600	239184	205509	253504	215906	263337	233163	247495	182089	288817	262639	351714	357336	343236	399444	231039	215599	335119
AT1G49760.1	PABB, PABP8 - poly(A) binding protein 8	7.74E-01	1.28	289	5	5	5	10h	0h	0h	117735	100589	117932	118087	94992	133945	117118	107262	118019	72005	133898	124364	112477	124185	148712	136725	108426	84945	130259	122630
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	2.65E-01	1.82	240	5	5	2	10h	0h	8h	305068	178581	155494	163556	216282	105246	155423	146922	225962	204398	160915	162723	90431	158030	202624	314712	232173	94904	109476	217790
AT1G74050.1;AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	4.33E-01	1.47	215	5	5	4	10h	24h	24h	272504	242690	161748	183939	211520	177110	195919	197480	229349	231633	203160	236152	163058	243362	211399	298932	269519	137153	137767	256677
AT4G33510.1;AT4G33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	2.12E-01	1.34	208	5	5	4	10h	24h	24h	223764	185110	219185	226958	220779	191590	154522	182789	177812	137906	223333	138326	181491	154790	184672	213962	219124	229492	188560	164062
AT4G35630.1;AT2G17630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	3.32E-01	1.24	253	5	5	5	10h	0h	4h	457243	397564	451513	406172	477818	413513	357054	395992	373231	394247	397682	369931	414407	431889	388691	505295	500186	532753	437204	374074
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	9.31E-01	1.25	221	5	5	4	8h	0h	8h	35744	49881	26333	41264	40790	38066	25734	40796	62444	47232	23183	50236	27395	53299	44803	42936	43933	43671	36861	45412
AT1G24180.1	IAR4 - Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	7.16E-01	1.48	237	6	6	2	10h	0h	8h	4127	6352	6836	7012	4932	5096	7390	3204	4835	3025	3988	6284	5128	3657	6516	8790	7021	5009	8132	4522
AT3G11830.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.55E-01	1.34	204	5	5	5	10h	0h	0h	80301	41765	53151	56619	80152	55311	73918	77836	78988	85442	49283	94945	73516	58819	101518	71825	60819	70837	49980	70098
AT2G20140.1;AT4G29040.4	AAA-type ATPase family protein	6.79E-01	1.52	258	5	5	4	10h	0h	0h	94368	99161	76773	150443	102612	105889	136745	138401	66041	145664	71735	118859	83227	91739	156434	153349	101227	130883	110833	85396
AT4G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein	7.87E-01	1.25	317	5	5	5	10h	0h	0h	155794	121505	162607	169757	164228	178539	168588	134002	200345	144367	214050	160382	183270	167668	202508	178015	235497	166374	151108	232692
AT5G63310.1	NDPK2, NDPK1A, NDPK IA IA, NDPK IA, ATNDPK2 - nucleoside diphosphate kinase 2	9.64E-01	1.17	208	4	4	4	6h	0h	6h	1428363	1143931	969189	1029115	1087141	1143573	1290107	766395	1301580	975258	1043814	1137521	956608	1301262	1303375	1259157	989823	1007427	1059496	1244465
AT2G23120.1	Late embryogenesis abundant protein, group 6	8.75E-01	1.18	384	5	5	4	10h	0h	4h	1717120	1455492	1167004	1138361	1345980	1393417	1688090	1451006	577100	930235	1576675	1477565	1238832	1650614	1571024	1390885	1441187	1304201	1296894	1339802
AT1G07770.1;AT3G46040.1	RPS15A - ribosomal protein S15A	5.51E-01	1.52	137	4	4	4	10h	0h	0h	361994	307172	293755	244971	235004	285814	208822	277124	344058	285581	266782	264260	216246	393271	259944	327462	335757	151997	277724	307217
AT1G22780.1	IFFL, RPS18A, PFL - ribosomal protein S13/S18 family	8.85E-01	1.38	292	4	4	4	10h	0h	24h	948147	948890	811153	807697	895721	782106	767224	1236978	1112132	1141750	583562	1067780	688182	1031966	628700	1454170	1290938	820214	644488	971493
AT1G14980.1	CPN10 - chaperonin 10	3.36E-01	1.21	133	4	4	4	8h	0h	8h	559205	498040	523230	512392	455206	533775	615367	445685	551494	506951	508164	480464	427153	553611	650262	604381	519123	591856	531841	559561
AT4G00100.1	ATRP113A, RPS13, PFL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	5.50E-01	1.67	179	4	4	4	10h	0h	24h	54553	47280	31888	36763	37516	31984	30608	23123	56721	49752	28811	50867	22258	35962	37857	61645	61519	30753	25077	29942
AT3G60770.1	Ribosomal protein S15E family protein	2.38E-01	1.77	156	4	4	4	10h	0h	24h	59745	64672	48409	47172	41032	53461	31128	84984	51309	41359	59084	40329	68060	59483	93615	81785	40519	34973	57030
AT4G11600.1	ATGPX6, PHGPX, LSC803, GPX6 - glutathione peroxidase 6	4.53E-01	1.48	208	4	4	4	10h	0h	0h	297516	215317	309511	246675	340831	341308	311448	356469	224993	191329	285279	345301	241929	399443	313704	353475	389078	244962	337389	241626
AT3G15190.1	chloroplast 30S ribosomal protein S20, putative	8.96E-03	1.95	295	4	4	4	6h	0h	6h	173467	137074	180929	102907	103607	105398	80221	70027	120551	105778	68572	93576	74613	136771	149863	183294	177237	120625	88328	134438
AT1G31120.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	7.18E-01	1.47	204	4	4	4	10h	0h	24h	333194	332595	245124	282736	311380	295575	294873	373673	235522	406147	196544	436142	221634	370061	296606	419378	421096	210716	207017	400536
AT4G30530.1;AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.05E-01	1.22	155	4	4	4	10h	0h	0h	100934	97478	97939	85681	90376	102922	102087	105270	86370	108908	111233	109726	97699	126888	106211	103104	129908	111522	94276	109267
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	5.70E-01	1.83	185	4	4	4	10h	24h	24h	142095	104311	106372	114663	97844	197346	150124	194267	197462	155486	172426	148174	98848	163946	183294	172737	126025	265246	78167	121314
AT5G47370.1;ATG45030.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	7.89E-01	1.40	103	4	4	4	10h	0h	0h	91302	139435	129908	97546	86113	109683	96161	99877	191782	92039	113540	86913	89348	122504	85002	185563	139770	80230	121104	128352
AT2G39770.1	CYT1, VTC1, SOZ1, EMB101, GMP1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	4.75E-01	1.56	213	4	4	4	10h	0h	0h	163242	68982	106465	134011	132758	87520	132124	119551	86213	162637	108388	152286	138633	111018	183471	131783	110575	100413	82630	90218
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	1.66E-01	1.31	154	4	4	4	10h	24h	24h	169984	84735	109385	81759	101292	99684	83351	106764	89221	124387	93684	110857	107868	128974	97864	117285	143197	93737	90748	89522
AT2G20610.1;AT2G20610.2;AT4G28420.2	SUR1, HLS1 - sphingosine-1-phosphate transaminase family protein	6.26E-01	1.18	219	4	4	4	10h	0h	0h	137179	122315	171508	139438	146792	161773	146704	122067	179779	146433	168330	137944	174464	177359	172956	177664	156147	199758	128801	148671
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	5.34E-01	1.41	182	4	4	4	10h	0h	0h	174456	208039	134329	141568	174314	118025	142390	157133	157823	177843	126632	180499	119175	177240	147804	195751	200903	99493	101934	184935
AT3G15170.1	adenylate kinase family protein	2.61E-01	1.37	188	4	4	2	10h	24h	24h	108822	125453	120427	89535	141058	104747	102823	97188	91399	133757	91129	110775	130040	112129	116642	103699	154108	103041	83360	87676
AT2G34470.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	6.62E-01	1.43	188	4	4	4	10h	0h	0h	45734	45505	65740	66073	48422	75711	67292	41893	88778	54041	58306	40776	81008	70063	75444	82750	65966	78774	57261	76108
AT5G08947.1;AT3G08943.1	ARM repeat superfamily protein	2.30E-01	1.30	153	4	4	4	10h	24h	24h	50582	47597	40878	55955	43950	41854	48975	46372	51341	51616	51788	47340	57255	68694	63674	54870	48951	48664	45931	47111
AT5G40950.1	RPL27 - ribosomal protein large subunit 27	3.63E-01	1.91	263	3	3	3	8h	0h	8h	593845	613344	585409	357427	284759	499802	294734	260087	958494	321932	369698	224619	401242	366690	368051	922843	602510	338280	331625	506554
AT1G75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	3.12E-03	2.29	151	3	3	3	10h	0h	6h	464494	409014	385546	289024	299238	303557	305483	254505	387998	247735	202911	341922	277463	382763	490538	555163	505305	405889	262210	479387
AT4G10040.1	CYTC-2 - cytochrome c-2	9.56E-01	1.35	171	3	3	3	6h	0h	6h	5242	6200	2765	4256	6368	3012	3402	1947	8455	3800	4033	6557	4625	4178	5912	3428	6573	5640	5130	4236
AT5G27850.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	5.14E-01	1.44	96	3	3	1	10h	24h	24h	53973	35957	33145	40828	46471	34188	31747	55362	29026	41244	44266	49367	47161	50441	43465	53995	68199	31501	24638	59296
AT1G16160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	2.03E-02	2.04	116	3	2	2	10h	0h	4h	16274	10734	17902	31890	19812	29231	19329	25552	28563	26452	15763	17764	21742	15780	35115	27197	29212	17824	20578	22332
AT1G09590.1	Translation protein SH3-like family protein	6.81E-01	1.45	84	3	3	3	10h	0h	0h	115488	157190	180487	125924	414916	236187	299711	312242	171152	414432	310143	378675	312009	181945	223507	445339	462981	254312	242263	366385
AT4G56450.1	PBG1 - 20S proteasome beta subunit G1	4.23E-01	1.39	154	3	3	3	10h	0h	0h	203755	267180	197724	258552	222175	251046	173887	220670	283781	233511	154190	183406	209622	201262	229995	349446	228064	277225	230648	217541
AT5G16130.1;AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e family protein	3.59E-01	1.59	102	3	3	3	10h	24h	24h	134437	171619	120985	145853	119594	132838	131740	139706	74232	143363	93644	126694	130018	153453	116777	215550	163224	101517	77963	132859
AT2G09910.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	4.70E-01	2.12	137	3	3	3	10h	0h	0h	24757	17455	10298	14004	17354	9026	15256	16472	2511	18826	15137	18496	4103	14337	20942	26904	25644	10003	19085	10085
AT2G00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	4.35E-01	1.31	92	3	3	3	8h	0h	8h	511542	211369	219040	238074	303840	210977	241420	276142	273217	250791	211869	244433	174790	245057	315670	263092	226928	192576	233437	187543
AT2G34480.1;AT1G29965.1	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	5.60E-01	1.57	114	3	3	3	6h	0h	6h	41698	36641	19444	24006	38971	25816	26150	29157	19022	16634	26415	32731	21046	33366	29328	33537	38325	16491	24141	35233
AT1G04270.1;ATG09510.2;ATG09510.1;AT	RPS17 - ribosomal protein S17	7.12E-01	1.39	181	3	3	3	6h	0h	6h	242769	237172	163336	215319	254730	174468	195121	207396	226301	184000	206324	254482	141027	219413	193948	311335	311137	192487	161152	260472
AT4G36130.1;AT2G18020.1;ATG51190.1	Ribosomal protein L2 family	7.45E-01	1.44	129	4	4	3	10h	24h	24h	104345	95478	73873	61741	96413	99737	86857	81842	89417	105611	78949	102003	79848	116225	54419	121960	127845	64296	55357	91487
AT1G80460.1	NHO1, GLI1 - Actin-like ATPase superfamily protein	7.82E-01	1.27	110	3	3	3	10h	0h	24h	70270	94883	38622	66666	63683	60503	78132	85216	70388	77454	53379	61159	69228	76380	71840	100939	69812	69546	64946	92830
AT4G34810.1	ALDH10A9 - aldehyde dehydrogenase 10A9	6.43E-01	1.36	93	3	3	3	10h	0h	0h	117256	74129	79757	99051	97924	92131	96575	94656	90213	85905	99503	83217	105939	96931	124307	94773	95563	99388	90575	80859
AT5G44120.1;AT3G13580.1;ATG44120.2;A	Ribosomal protein L10/17 family protein	1.97E-01	1.98	171	4	4	3	10h	0h	0h	86286	58618	76115	61019	125908	72729	55001	61636	51253	89798	82761	106050	69799	96536	59862	117787	135458	62179	46702	116380
AT4G21210.1;AT4G21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	2.19E-02	1.54	137	3	3	3	10h	0h	0h	238866	174376	249648	314756	316272	300368	255570	307492	339508	295515	243686	383914	298743	282789	382743	293730	345168	269496	250574	265923
AT1G20450.1;AT1G20450.2	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	5.26E-01	1.62	168	3	3	3	10h	24h	24h	146541	109404	91928	69356	153114	116976	100188	107766	105010	74399	136170	161698	122910	167520	137060	99750	225448	101316	45347	139383
AT1G51160.1;AT5G62840.1	MUR1, MUR_1; (GMD) - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.64E-01	1.25	133	3	3	3	10h	24h	24h	120674	93777	122655	130471	100615	90131	121285	108207	145205	155123	83203	111341	132419	115406	152911	136029	114180	132454	86803	141059
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	7.16E-01	1.38	138	3	3	3	10h	24h	24h	34073	22514	23128	38055	31486	19902	24716	29865	10839	32718	22698	24611	32289	24868	28979	28977	32535	27210	12764	28788
AT2G27710.1;AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein family	5.04E-01	2.05	214	3	3	3	10h	0h	0h	93411	50603	47203	74142	97944	44726	37145	71335	60279	80630	82821	107456	47035	98019	43103	130396	126343	31053	18199	97146
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	2.47E-02	2.07	132	3	3	3	10h	24h	24h	166197	77905	81078	98885	102797	92634	123133	116802	170003	141901	108108	127302	145658	171750	201117	177277	141432	76931	97827	75856
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	9.18E-01	1.18	138	3	3	3	10h	0h	0h	47595	35733	30496	53095	34602	32612	44830	46223	41181	40718	38172	46101	35815	35352	57469	39729	37661	43450	28243	46597
AT4G25080.1	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	6.03E-01	1.36	121	3	3	3	10h	0h	6h	50982	66078	57198	47853	43023	65092	45895	74153	55127	37252	60192	56774	71721	53565	66384	66999	66131	53418	69049	33782
AT5G48930.1	HCT - hydroxycinnamoyl-CoA shikimate/quinate hydroxycinnamoyl transferase	5.95E-01	1.30	72	3	3	3	10h	24h	24h	69651	41008	134273	43480	107146	71905	78115	84644	70133	99112	60888	68573	108117	73211	120520	77488	84198	53332	75056	88847
AT4G29160.1;AT2G19830.1	SNF7.1 - SNF7 family protein	2.57E-01	1.43	150	3	3	3	10h	24h	24h	101231	73767	87905	57547	65100	66396	78001	64668	96415	57690	104520	60295	58375	66085	77147	75515	110754	91195	63860	61975
AT1G80410.1	EMB2753 - tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	1.30E-01	1.42	204	3	3	3	10h	0h	6h	50399	42777	54367	62730	57630	67393	69108	57053	64051	73785	56382	73227	61074	46026	62682	81902	64957	44805	54571	57970
AT4G16143.1	INPP4, 2 - alpha-type inositol polyphosphate 2	5.32E-01	1.18	134	3	3	3	10h	0h	8h	80043	83636	83015	82339	87612	80273	60983	109678	85164	106809	72854	89698	80035	88029	95722	86790	108341	64548	108069	86252
AT1G16350.1;AT1G79470.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.91E-01	1.49	123	3	3	3	10h	0h	0h	37258	39230	54881	66423	42373	63247	57167	47870	63076	42009	40262	52765	54838	57157	53756	80926	49635	54628	44650	46948
AT5G49650.1;ATG49650.2	XK-2, XK2 - xylulose kinase-2	9.42E-01	1.25	160	3	3	3	10h	0h	0h	52665	98477	69136	73877	72019	56565	84965	85087	55351	63512	61785	78912	63773	74936	81081	79423	75077	92094	82715	48199
AT5G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.58E-01	1.41	211	3	3	3	10h	0h	0h	62085	81339	105902	63411	70241	82007	51699	50623	114897	69985	57036	69769	89577	85192	82526	88065	98351	79879	99264	55549
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.91E-01	1.96	95	3	3	3	10h	0h	0h	5296	21715	43797	26145	31866	28191	44018	30167	54816	22645	39577	40166	46366	34216	31837	63033	43695	37301	31067	32418
AT3G01390.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	8.37E-01	2.05	153	3

AT2G01210.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	8.38E-01	1.58	28	1	1	4h	6h	1083087	1480265	609987	1472214	916073	1251845	1817885	665821	1441649	691020	968719	1030997	580119	1089606	2174185	823510	921459	896011	1424811	1225835
AT5G61380.1	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit P-related	8.03E-02	58.14	30	1	1	4h	8h	38580	154277	47793	47943	79046	71894	48931	178618	175021	7774552	42636	64584	33590	33066	73148	140562	85678	32875	90468	56005	75438
AT3G49250.1	DMS3, IDN1 - defective in meristem silencing 3	6.04E-01	1.64	21	1	1	4h	6h	120065	154147	128835	100304	121874	82699	153514	81098	217118	69387	113857	133307	103804	164376	161204	153806	123643	144820	141582	152576
AT2G41445.1	unknown protein	4.73E-01	33.85	21	1	1	4h	6h	179173	208012	154470	211765	181217	204541	168506	179641	14279098	160352	127717	150998	165669	173909	143535	161064	157103	173068	166876	161625
AT1G06850.2	AtbZIP52, bZIP52 - basic leucine-zipper 52	3.19E-01	43.03	26	1	1	4h	10h	14101	24287	26707	29046	24454	31831	32330	24603	2078597	27122	11646	15431	25705	30570	28898	12929	7799	22796	12089	25482
AT5G25280.1	serine-rich protein-related	9.15E-01	1.24	35	1	1	4h	0h	140342	110757	146694	154781	143985	176055	159835	100427	232560	129441	156339	122741	141343	153657	161684	120771	147785	161387	153123	140837
AT1G65985.1	Plant protein of unknown function (DUF247)	4.83E-01	2.14	26	1	1	4h	0h	51452	103774	160570	149299	108307	257776	165251	119331	390423	75187	152657	58974	218936	236213	75359	103767	160655	205092	168135	238820
AT5G60900.1	RLK1 - receptor-like protein kinase 1	9.43E-01	1.57	28	1	1	4h	8h	272157	499810	466740	329709	325409	474587	480006	824512	263853	387087	375840	371096	365445	262100	269321	535295	397232	521744	440390	175586
AT5G45760.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.54E-01	59.22	29	1	1	4h	8h	14010	14744	12073	13664	16520	11713	14543	7281	1958549	16959	9559	9794	11819	11826	10459	9870	13612	17012	19145	12503
AT2G28710.1	C2H2-type zinc finger family protein	8.59E-01	1.24	20	1	1	4h	24h	158269	115686	129783	149883	100388	152889	129566	116215	169509	125212	130982	126361	129668	153445	122049	171372	86194	92070	121857	120403
AT2G15400.1	RBP36B, NRPE3B - DNA-directed RNA polymerase family protein	3.42E-01	1.46	23	1	1	4h	2h	221643	207884	213174	210155	164749	177708	204215	288358	313912	242418	214908	242743	289443	134968	138247	207358	212575	222777	163214	196911
AT1G58230.1	binding	3.12E-01	2.18	29	1	1	4h	6h	39628	155454	129674	120740	72370	190038	150294	173649	272216	84763	97539	114791	224343	166653	98081	84231	121673	182727	236581	121819
AT2G02540.1	ATHB21, ZFHD4, HB21, ZHD3 - homeobox protein 21	5.72E-01	2.11	23	1	1	4h	8h	15974	58897	54738	45331	26963	61824	42425	51666	101933	33970	28039	32584	61869	61588	43643	80968	48926	51743	59473	50710
AT1G64140.1	unknown protein	7.00E-01	1.48	26	1	1	4h	10h	120238	114408	80109	90241	111264	80785	92477	136203	155663	107017	107063	159448	111766	68000	48803	93692	117757	137445	108687	94439
AT5G20500.1	Glutamedoxin family protein	2.15E-01	2.04	100	1	1	4h	10h	96106	140043	98120	61823	105002	102997	112219	105238	239873	81366	102739	115251	74716	93972	39005	123111	62533	134702	85096	122873
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	3.20E-01	1.48	49	1	1	4h	24h	98642	95341	101963	100499	108327	83972	109004	137970	83138	90795	117317	89369	59897	95390	87018	98606	98846	103427	73121	46592
AT3G42790.1	AL3 - alfin-like 3	9.23E-01	1.34	26	1	1	4h	2h	66497	36157	49700	33178	44544	49130	35354	71756	62680	46448	45391	53723	33090	51856	58406	39732	40760	39582	51972	51956
AT5G43940.1	unknown protein	6.51E-01	11.99	23	1	1	4h	8h	40299	29245	148303	8999	62285	95119	77935	79678	646457	50665	37455	22296	11083	28682	43310	19475	78780	73601	32668	41567
AT1G18090.1	Galactosyl transferase GMA12/MNN10 family protein	5.24E-01	1.24	21	1	1	4h	2h	515718	441547	367622	372367	468700	241290	424124	449374	470280	454729	424752	401521	505556	403182	431567	396750	371585	435522	369566	412270
AT1G51580.1	RNA-binding KH domain-containing protein	4.44E-01	1.94	24	1	1	4h	0h	6451	37318	40587	54020	42265	51935	57695	24613	81604	37950	57255	54115	30482	41001	41586	57443	47454	48937	35341	66130
AT5G49680.2	Golgi-body localisation protein domain ; RNA pol II promoter Fmp27 protein domain	2.80E-01	3.54	23	1	1	4h	8h	86475	158687	176212	136385	160995	206507	155879	232352	903823	231896	83918	117690	147266	100294	143498	61388	172833	144751	219129	201425
AT1G20560.1	AAE1 - acyl activating enzyme 1	7.58E-02	851.77	24	1	1	4h	2h	53	2113	3490	691	0	1570	425	586780	1015	461	532	5022	5924	499	154	865	518	14992	8192	
AT1G21065.1	unknown protein	7.13E-01	1.33	45	1	1	4h	0h	19490	28127	43955	40129	28510	25708	45030	29719	47392	37127	43728	25959	42032	36922	31413	25653	43119	30121	36063	50812
AT5G02470.1	DPA - Transcription factor DP	4.27E-01	1.35	23	1	1	4h	6h	44588	44478	43419	32444	42533	49439	38769	61300	50464	43828	30633	39424	47466	46814	52862	40674	42722	41779	37843	35961
AT5G19855.1	Chaperonin-like Rbc6 protein	7.96E-01	1.48	67	1	1	4h	6h	83421	124550	119086	158695	119323	89085	132638	128668	130592	94320	81786	137556	154747	92965	51126	158435	135340	113339	111808	141865
AT5G56220.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.03E-01	2.48	24	1	1	4h	0h	9798	36311	39748	10048	14120	64611	15551	20828	176513	7706	52868	6564	43717	93248	20788	59329	47372	46371	69345	41014
AT1G64583.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.48E-01	1.47	26	1	1	4h	10h	84583	136781	143965	158679	148456	179860	145916	157249	233718	147850	178487	122578	175486	110616	147038	157153	103523	179428	164473	164143
AT1G52530.1	unknown protein	5.24E-01	1.64	33	1	1	4h	10h	31984	90070	62254	52189	58160	79092	62263	101160	68131	60761	55188	55587	75069	50461	33740	56301	51297	53601	91365	75529
AT5G22470.1	NAD+ ADP-ribosyltransferases;NAD+ ADP-ribosyltransferases	6.07E-01	1.73	20	1	1	4h	6h	70978	89029	98620	102070	80292	125790	73121	85299	199210	86084	51838	77210	100731	107088	106339	116989	84566	98018	74483	88624
AT3G03790.3;AT3GD3790.1	ankyrin repeat family protein / regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	2.87E-01	1.49	21	1	1	4h	0h	142276	192850	141323	176883	178066	158751	147768	273341	286544	217288	178820	222107	231158	174196	155171	171514	179608	212108	126186	144753
AT1G21360.1	ITN1 - Ankyrin repeat family protein	4.30E-01	1.85	24	1	1	4h	10h	26067	39909	21664	28203	28801	27656	29924	57515	55958	37150	21199	23658	27159	20653	20692	14812	20464	27162	22957	14024
AT5G51570.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	9.01E-01	1.17	24	1	1	4h	10h	51803	74858	62881	62111	63778	63409	61753	76434	80862	70066	57565	64938	88886	52775	59968	68118	59700	56029	61228	77611
AT4G15940.1;AT3G16700.1	Fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase family	3.60E-02	1.92	65	1	1	4h	8h	29678	42037	34164	34453	35605	26664	37346	53151	29565	24911	16833	32984	35648	32265	41687	43267	31835	35815	36322	35072
AT3G16850.2	Pectin lyase-like PLA2 protein	6.75E-01	1.30	28	1	1	4h	24h	21174	26974	19655	21775	21271	19043	29639	26321	15214	23967	19882	18595	19945	26503	16160	23605	19826	16733	21734	
AT5G54600.1	Translation protein SH3-like family protein	6.19E-01	10.50	29	1	1	4h	2h	41744	50308	42036	22006	10392	22545	20185	14553	542425	27962	18912	36989	27337	19701	35043	42751	46244	21467	23063	27040
AT3G21900.1	RNI-like superfamily protein	4.64E-01	1.45	23	1	1	4h	24h	110891	89148	63118	102259	69221	94415	90566	111787	141258	95020	75340	104754	71691	70566	95570	84150	84093	88969	83792	64008
AT1G53285.1	unknown protein	9.07E-01	1.86	27	1	1	4h	6h	4485	24943	16210	10993	14712	19052	10622	12662	29702	7472	11477	11269	16636	12503	8432	10359	27517	16063	15696	17021
AT4G02825.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	3.15E-01	1.80	27	1	1	4h	24h	59384	73446	68797	65105	70420	51725	57787	89355	152498	62482	49900	90116	50003	53589	54623	76372	55138	66821	49174	39779
AT5G17980.1	C2 calcium/lipid-binding plant phosphoribosyltransferase family protein	7.69E-01	1.88	21	1	1	4h	24h	26750	34116	16721	49904	8860	43439	45813	47929	38318	27889	20339	35918	30785	28550	33916	50499	11586	28055	22786	19358
AT1G76380.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	9.61E-01	2.23	27	1	1	4h	0h	56038	52201	27659	35016	15283	44801	36284	47443	62429	51564	39670	40539	51734	29582	44735	41450	53507	48746	36037	39174
AT4G01370.2;AT1G01560.2	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	1.12E-01	1.32	50	1	1	4h	8h	68633	80945	78366	68944	73174	84055	70987	89351	72632	82443	59916	75105	49746	51610	80875	66638	78448	80977	68757	58128
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.64E-01	2.64	25	1	1	4h	8h	14842	49261	72798	22139	21615	91717	23586	36672	297721	31744	75130	24458	78202	83258	21299	67625	61528	107270	80041	66843
AT3G05530.1	RPT5A, AT5A, 2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	7.93E-01	1.43	31	1	1	4h	8h	32093	30750	36802	44283	33556	24760	38577	39617	33655	50394	13009	35936	18151	24317	24620	53386	29953	36702	33455	36198
AT5G26710.1	Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ic	3.10E-01	1.34	26	1	1	4h	0h	64217	78656	80329	82357	74560	82923	70861	110840	118463	81787	76833	75916	71155	78038	87260	82853	70799	94941	71474	79346
AT5G21050.1	unknown protein	5.11E-01	Infinity	27	1	1	4h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	636201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT1G21864.1	Plant thionin family protein	3.16E-01	Infinity	24	1	1	4h	2h	0	11797	0	0	0	0	0	0	205150	0	0	0	0	0	77606	48292	0	0	0	0
AT5G48460.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.52E-01	3.69	45	1	1	4h	10h	24071	19069	28149	20779	16435	11413	19093	23813	132690	26173	26960	18002	14303	19905	10170	14534	22828	22582	19654	22395
AT4G33700.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	4.50E-01	68.20	24	1	1	4h	24h	1266	27289	4428	6203	0	8913	1519	1838	222475	1017	2488	0	454	3390	1124	167916	51573	658	1203	1451
AT2G28490.1	RmlC-like cupins superfamily protein	1.14E-01	2.26	20	1	1	4h	0h	4809	14136	22926	30840	17117	15007	26780	26678	41198	16377	11955	23036	43032	22461	31071	32229	24944	14682	31808	34803
AT2G19360.1	GATA type zinc finger transcription factor family protein	7.54E-01	Infinity	24	1	1	4h	0h	0	0	1339	0	0	1516	0	0	1186760	0	0	0	1552	3493	0	1204	1572	4482	24	2548
AT4G31170.1	Protein kinase superfamily protein	8.44E-01	1.72	31	1	1	4h	8h	17265	34621	23838	43055	7116	26787	21012	29039	42337	9848	35825	6260	25562	21902	26756	40023	19135	20475	28466	21066
AT5G15680.1	ARM repeat superfamily protein	5.57E-01	1.54	21	1	1	4h	2h	56038	50201	27659	35016	15283	44801	36284	47443	62429	51564	39670	40539	51734	29582	44735	41450	53507	48746	36037	39174
AT3G00640.1	RPL13 - ribosomal protein L13	9.08E-01	1.92	23	1	1	4h	10h	16802	15117	25235	13111	14657	28729	17031	11448	46257	16092	19255	6526	14007	27784	13413	11631	13866	26796	8611	21182
AT2G43790.1	ATMPK6, MPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	6.64E-01	1.41	68	1	1	4h	24h	41822	27764	40874	23148	50360	49224	28321	31569	35712	51680	40924	38496	35396	43069	36417	47096	25731	37583	35231	34107
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	9.40E-01	1.17	35	1	1	4h	24h	56570	54668	40767	48414	56409	46060	41839	61965	57167	51481	44290	30724	53637	54673	37900	37031	64202	49514	42377	45228
AT2G21060.1	ATGRP28, ATCSP4, GRP28 - glycine-rich protein 28	1.21E-01	3.76	84	1	1	4h	8h	27411	48191	52777	21084	44720	44357	52491	41191	129738	8191	31409	20658	40674	28298	52565	38708	31423	42682	46736	31504
AT1G19740.1;AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	5.82E-01	5.89	56	1	1	4h	24h	34415	45050	21361	16140	16238	18495	20365	14128	236414	16274	21474	13869	20087	15485	14549	23384	20121	17703	9946	18355
AT1G16550.1	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.99E-01	2.16	55	1	1	4h	0h	9567	5355	8992	9958	9261	14454	10295	8624	32790	16263	6916	10168	7624	8672	11213	8357	13785	7406	12052	7469
AT4G23730.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	5.31E-01	1.71	29	1	1	4h	6h	36835	67851	61014	50369	79076	38924	66581	70450	145879	55574	57937	76662	59548	30160	61310	48735	69988	62255	51593	94675
AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	3.33E-01	1.98	29	1	1	4h	6h	41462	51099	61073	50317	21598	43019	46484	51099	52270	76952	2452	58376	43080	62140	37844	26225	49091	54366	28275	74639
AT4G19130.1	unknown protein	2.95E-01	1.64	28	1	1	4h	6h	11527	14368	15117	19428	13087	15648	14052	15926	26244	13328	9494	12281	14960	13964	16214	15538	13200	17126	12213	16742
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	2.65E-01	1.74	32	1	1	4h	2h	23471	54264	25849	27686	22303	26545	28845	57306	46644	26508	31556	36671	35172	25477	26490	32527	38213	36231	51142	40467
AT5G58240.1	FHIT - FRAGILE HISTIDINE TRIAD	4.63E-01	1.39	56	1	1	4h	10h	61389	30552	37210	38884	40754	30341	30245	31152	68035	48494	29322	30986	33726	45769	37849	30262	25252	32684	23876	40585
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	4.35E-02	2.28	47	1	1	4h	10h	37386	24616	17196	38657	61394	35644	51302	51052	78494	42437	54226	44245	28888	56691	24777	30328	33423	35087	45796	68146
AT4G19006.1;AT5G45620.1	Proteasome component (PCI) domain protein	9.72E-01	1.71	32	1	1	4h	0h	6317	8212	9414	11974	8659	4622	12450	14387	2107	15026	2193	12892	8941	5603	6489	3279	7160	8250	4709	9209
AT5G42100.1	ATRD, PAP_ATRD, PAP_RD_PPAP - beta-1,3-glucanase_putative	5.71E-01	1.45	65	1	1	4h	10h	39429	22286	43257	49491	32729	49371	39313	58102	41128	38555	49471	32712	51124	28341	35075	32773	27803	28717	51328	52874
AT3G04100.1	AGLS7 - AGAMOUS-like 57	5.11E-01	6.91	39	1	1	4h	2h	4618	9780	3832	6500	3619	2936	9431	5922	74800	4820	9249	4058	4634	12604	4187	7940	6816	11547	1136	6413
AT2G45440.1	DHDPS2 - dihydrodipicolinate synthase	9.17E-01	1.25	22	1	1	4h	24h	18459	16765	17033	17041	20223	14617	17197	15596	26538	21608	16426	19808	20367	11579	15350	18805	15627	22070	10657	14838
AT4G19810.1	Proline-rich extensin-like family protein	8.15E-01	1.57	20	1	1	4h	6h	46482	55341	77487	53809	80171	56380	62371	52016	166250	79215	97758	52406	102465	92499	67328	74271	80044	103453	63560	34378
AT3G21241.1	ATCYS1, CYS1 - cysteine synthase 1	2.25E-01	3.48	94	1	1	4h	8h	27400	14607	22657	18311	17479	17167	15451	22484	72788	7602	13603	17807	18886	15682	22285	19534	14374	21768	13943	20607
AT1G63660.1;AT1G63660.2	GMP synthase (glutamine-hydrolyzing), putative / glutamine amidotransferase, putative	3.01E-01	1.51	87	1	1	4h	8h	36207	15638	23835	26954	30449	25632	29631	35817	38661	33111	24089	26877	22397	19585	29031	32419	26814	27189	25263	29690
AT4G04340.1	ERD (early-responsive to dehydration stress) family protein	9.44E-01	8.76	34	1	1	4h	8h	0	18240	2066	37027	14655	0	75766	50032	0	9573	0	40983	4090	3149	32378	3846	2999	35542	29249	0
AT1G05660.1	Pectin lyase-like superfamily protein	3.12E-01	1.83	21	1	1	4h	8h	6770	20661	12806	10614	13467	22975	18186	15565	30433	15174	10647	11098	12276	11694	11419	12424	14489	20693	19872	14538
AT2G33160.1	glycoside hydrolase family 28 protein / polygalacturonase (pectinase) family protein	4.38E-01	3.92	21	1	1	4h	10h	30959	30748	45692	34632	27487	27438	30399	36800	270263	25185	40369	23545	29893	32928	24176	17695	44115	33188	25718	29157
AT1G11580.1	ATPMEPCRA, PMEPCRA - methylesterase PCR A	2.49E-01	3.09	35	1	1	4h	8h	17779	18856	17236	9118	12423	11086	13236	10230	63847	15642	14153	8105	6811	13317	8210	6013	14753	12346	14307	12176
AT3G20540.1	PDS1,ATAMP45 - polyneuridine aldehyde esterase	4.42E-01	22.47	26	1	1	4h	8h	6327	7336	0	6646	4630	3938	3752	4025	143966	5025	1406	4917	1540	696	11648	45501	14772	2092	3882	5384
AT5G05965.1	unknown protein	5.75E-01	Infinity	26	1	1	4h	24h	0	6399	1339	576	0	0	0	0	243456	0	51	0	0	194	0	53621	53970	0	0	0
AT5G24310.1	ABIL3 - ABI interactor-like protein 3	8.99E-01	2.31	30	1	1	4h	0h	9046	18543	12058	24880	5786	26380	13411	16483	61688	13437	25482	28954	12750	14384	13309	15082	29126	14935	27261	17536
AT4G13570.1;AT3G54560.1;AT2G38810.1	HTA4 - histone H2A 4	5.96E-01	Infinity	33	1	1	4h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	138444	0	0	0	0	0	0	366	0	0	0	0
AT4G21440.1	ATMYB102, ATM4, MYB102 - MYB-like 102	5.16E-01	2.21	23	1	1	4h	2h	21607	60120	25082	30866	21470	24605	24811	71030	73840	18724	37691	20974	52664	29722	19954	45687	29917	49440	37570	39915
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	8.45E-01	9.94	25	1	1	4h	6h	0	12617	6467	970	3317	11987	2579	4422	37009	1045	1906	0	7120	10065	0	6258	10595	14123	4707	9973
AT1G01071.1	unknown protein	7.48E-01	26.09	21	1	1	4h	24h	2659	4269	14387	2927	20909	20222	3728	8436	408211	9543	5252	7927	48	21253	7639	6454	11974	5546	4785	5784
AT1G11400.1	PYM - partner of Y14-MAGO	1.75E-01	6.56	27	1	1	4h	24h	438	11628	3999	11186	10272	4983	16145	10737	19557	582	4140	4087	8846	567	11488	4297	4227	10684	15389	6917
AT3G24880.1	Helicase/SANT-associated, DNA binding protein	6.97E-01	3.18	32	1	1	4h	8h	1124	6364	22436	0	8549	10917	2639	35767	5107	11393	6	10829	1430	1434	19418	1935	11242	4543	7631	2653
AT5G07810.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein / HNH endonuclease domain-containing	9.65E-01	1.40	21	1	1	4h	6h	8993	21257	9598	11987	15713	9575	11495	27649	1280	7976	11269	16365	9396	10921	15449	10828	9487	10727	11954	9018
AT5G58090.1	D-Glycosyl hydrolases family 17 protein	4.40E-01	2.05	43	1	1	4h	8h	6262	13352	14169	17067	8493	8033	15547	16326	14678	10524	4626	10427	16291	18782	10104	15668	4055	6849	13546	12229
AT4G24510.1	CER2, VC2, VC-2 - HXXXD-type acyl-transferase family protein	5.83E-01	12.05	44	1	1	4h	8h	21477	7167	7898	13156	6857	8719	14249	4077	166658	11733	8276	7141	4612	3594	7156	15442	9636	9835	13075	8314
AT4G39200.1	Ribosomal protein S25 family protein	3.34E-01	2.73	125	1	1	4h	10h	8866	7165	4592	8862	10985	6359	8729	10190	21989	14971	6179	6691	2467	5828	4458	6881	13076	10903	4324	9306
AT4G35760.1	NAD(P)H-dehydrogenase (quinone)s	6.46E-01	1.75	44	1	1	4h	10h	14102	11609	14060	11528	14770	11278	8607	15599	26920	10033	16947	6570	9364	13220	6437	10398	14489	10550	9066	16554
AT4G33925.1	unknown protein	9.97E-01	16.50	26	1	1	4h	2h	6176	19051	16018	3113	12672	12056	496	6088	452720	15126	16829	2843	23442	33613	9601	15956	20121	39389	18667	6628
AT2G26280.1	CID7 - CTC-interacting domain 7	9.76E-01	1.95	21	1	1	4h	8h	12696	11365	48811	15034	35772	21387	9852	32687	78949	38440	10817	32785	20147	9227	14258	32423	29594	51886	12821	6406
AT5G16715.1	ENB2247 - ATP binding;glutamine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl	9.10E-01	4.17	34	1	1	4h	0h	0	1893	2592	902	904	2273	0	1268	8285	211	1317	6	3477	1355	632	2412	1912	4086	878	2287
AT5G02840.3	LCL1 - LYF/CCA1-like 1	3.27E-01	7.82	34	1	1	4h	24h	11438	7539	10277	5381	12291	10294	10072	14288	183975	15151	17627	11684	14036	11156	14242	14057	13184	12687	7656	6290
AT5G28050.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	2.93E-01	2.69	23	1	1	4h	0h	0	14900	1522	7578	4141	11599	19643	11211	13332	4223	9071	14250	7911	13690	15842	19091	6924	21681	9626	6701
AT4G27530.1;AT5G47200.1	RABE1C, ATRABE1C, RABE2C - RAB GTPase homolog 1C	1.78E-02	2.58	35	1	1	4h	24h	6266	17817

AT2G35410.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.07E-01	3.71	75	1	1	0h	4h	11897	7471	7095	5799	10574	6945	6414	707	21	5721	6548	3834	3967	3941	6713	3413	5841	3526	13545	8406
AT5G15970.1	KIN2, COR6.6 - stress-responsive/induced protein (KIN2)/ cold-responsive/induced protein (COR6.6)	3.56E-01	2.07	104	1	1	0h	24h	3212	12335	5041	4694	4633	4101	3772	8565	5747	2898	4500	6957	5535	5421	5338	3932	9581	3791	3436	2700
AT4G28300.1	Protein of unknown function (DUF1421)	8.78E-01	1.45	44	1	1	0h	4h	4616	2849	1689	3185	1514	2356	2913	1793	1600	2170	2221	2449	2372	1912	2668	2198	2026	1883	2799	3356
AT1G11660.1	heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	2.27E-01	1.92	36	1	1	0h	2h	11347	7742	7212	4506	3735	5450	6129	5227	10579	8066	8113	7692	9226	4237	6571	8513	9720	8024	6931	3673
AT5G20250.4;AT5G20250.1	DIN10 - Raffinose synthase family protein	4.92E-01	5.18	20	1	1	0h	8h	15286	4642	5460	7211	8920	8667	5960	8533	2236	2637	3239	2298	768	1835	5950	4685	0	3168	2177	2032
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	4.83E-01	2.13	49	1	1	0h	4h	15669	6148	6288	6477	7051	8765	7553	366	5294	5663	8201	3954	10003	6962	11125	5115	2555	9049	8078	9328
AT5G21100.1	Plant L-ascorbate oxidase	8.87E-01	1.93	41	1	1	0h	24h	3542	4435	1663	2811	3521	1355	3892	4159	700	3012	1327	4032	2321	1438	3634	2155	2638	1056	2241	1708
AT1G15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	6.62E-01	1.82	32	1	1	0h	24h	3052	2096	1634	2233	1472	810	1300	2143	1237	2006	1716	2929	1616	838	1551	1303	2407	541	2151	1034
AT1G15750.1	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	7.46E-01	1.82	24	1	1	0h	2h	6544	5066	7589	3132	5211	2209	3731	1783	10294	6854	3922	4808	4950	6483	3182	2315	9333	5345	5967	4836
AT1G36320.1	unknown protein	4.82E-01	3.16	24	1	1	0h	10h	2210	2849	2557	552	1293	2201	723	3407	991	427	1583	1090	1568	1508	1013	964	432	417	2385	3024
AT1G49975.1	unknown protein	1.12E-01	1.82	24	1	1	0h	6h	3312	3180	2070	2242	1832	2257	1609	2337	1436	1148	1984	2552	1683	2199	1792	2154	2060	2265	2538	2019
AT5G16840.1	BPA1 - binding partner of acd11 1	7.06E-01	2.67	59	1	1	0h	10h	5491	832	1222	2691	2299	2240	2553	2218	0	1010	1139	2713	590	484	1193	550	1080	1158	1584	1542
AT1G53520.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	9.75E-01	1.65	58	1	1	0h	10h	3311	10341	0	3003	6075	0	6029	5931	0	8121	0	8830	0	0	8273	0	0	4571	7746	0

Tabelle BS-e: Col-0 DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

											Normalized abundance															
											0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h			
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
AT1G26390.1	FAD-binding Berberine family protein	7.26E-10	61.94	618	9	4	24h	4h	AT1G26400.1	31585	22523	14615	29982	22563	24209	20182	13265	16605	20804	19975	21518	24595	19510	27728	31852	17377	675620	1187986	1248919
AT2G45220.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	2.35E-09	33.27	830	10	10	24h	6h	AT4G02330.1	161251	93500	81131	108665	108425	99976	82935	72846	96785	67251	82014	95185	114411	77548	63313	111467	128568	3418015	2245297	2469804
AT1G66700.1	PXMT1 - SAM-dependent methyltransferases superfamily protein	1.92E-09	13.12	440	6	3	24h	4h	AT1G66700.3	60917	50069	44327	62437	57117	48896	41758	52938	58408	64298	48546	46042	68966	57998	114318	87239	70908	6619955	4964938	849819
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	3.45E-08	13.06	1047	21	15	24h	0h	AT1G65960.1;AT2G02000.1	471136	451159	428604	478779	529374	411957	441120	476023	473525	757177	816299	676682	1524766	1110578	1796599	1806385	738712	6845391	5411311	5382307
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthraniliate synthase alpha subunit 1	3.78E-08	11.19	617	10	8	24h	4h	AT5G05730.2;AT2G29690.1	233434	261879	329573	353632	345115	402026	214959	291821	266009	327628	231997	296218	477478	334344	679472	727267	434145	3404278	2020107	3225074
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	4.05E-08	15.96	458	8	8	24h	0h		192738	247711	197063	325327	247205	290188	139040	200760	226500	180839	221431	207734	347201	253089	517992	306153	238922	4753906	2332041	2646724
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	4.57E-08	17.89	455	6	6	24h	0h		85830	76566	75361	67906	93842	65812	75035	84093	99892	160319	146052	135552	270172	195224	367525	402867	161128	1693483	966660	1412012
AT5G63680.1	Pyruvate kinase family protein	2.73E-08	9.85	325	7	7	24h	4h	AT5G08570.1	122393	107025	87524	102307	115382	113023	108586	110807	97237	102396	132908	118189	114368	139232	201175	203144	104982	1426106	876325	817161
AT1G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	9.59E-08	19.99	229	5	5	24h	0h		33771	24958	22891	35078	40599	21550	24358	26188	21590	19553	25846	25393	47813	33829	83171	76445	31763	560063	391007	465189
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.44E-07	7.78	504	7	7	24h	4h		204010	276555	218274	262282	248334	241458	221420	250355	223299	283289	339355	232514	480022	452736	747860	711556	339630	1877191	1565917	1965128
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	2.16E-07	12.80	1592	23	21	24h	4h		1504914	1396427	1530153	1864762	1572022	1455747	1591714	1489061	1444476	1760581	1767636	1646236	2935029	2051522	4440683	4005727	2004232	28467843	12373346	15862875
AT3G29350.1	SAG13 - senescence-associated gene 13	2.28E-07	37.86	54	1	1	24h	0h	AT2G29350.1	8252	11410	12830	11375	13472	15409	13163	12623	10901	12970	13587	19313	44868	29058	90292	75747	19658	449445	340604	439884
AT5G56350.1	Pyruvate kinase family protein	3.26E-07	7.14	384	7	7	24h	4h	AT4G26390.1	287019	206197	175126	258296	222980	200440	179121	169929	214226	241930	251728	223665	353361	201709	352325	286445	249190	3286265	3099120	2329006
AT5G20830.1	SUS1, SUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	3.49E-07	9.54	572	12	11	24h	6h	AT3G43190.1	337855	267541	317990	381938	333612	318529	276177	278037	305302	284826	242433	275751	383673	355869	557112	687440	320830	3805779	1897235	1960357
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	3.79E-07	Infinity	24	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2, ME2 - NADP-malic enzyme 2	4.22E-07	5.87	1469	19	12	24h	4h	AT2G19900.1;ATI-GY9750.1	2196190	2585516	2118609	2417269	2338994	2187381	2054488	2087777	2353315	2696711	2769424	2638076	4257947	3206540	5399900	5302293	3018701	17067899	10030253	11025320
AT2G21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.98E-07	5.06	146	3	3	24h	6h		225260	200891	144243	188033	133841	142131	174417	146465	194007	158628	155241	148849	189966	160327	206656	162754	213491	1021651	656937	664962
AT2G33860.1	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.10E-07	18.58	444	8	7	24h	4h	AT2G33860.3	80220	99566	47239	59648	46371	64269	64977	55323	44939	98814	87637	60415	184496	123870	258831	195575	97114	1348625	808160	913541
AT5G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.64E-07	6.72	403	7	7	24h	4h	AT5G19010.2	186650	187632	208239	177311	188257	170798	210896	194167	205830	354101	418011	372472	651643	576360	888793	732868	339120	1431870	938748	1268574
AT1G65230.1	Uncharacterized conserved protein (DUF2358)	6.07E-07	944.40	30	1	1	24h	2h		18515	7393	3252	911	3049	2640	12161	9574	4961	53842	50003	14631	223585	84419	648350	209842	86330	3548222	1311139	1374439
AT2G24200.1	Cytosol aminopeptidase family protein	6.82E-07	5.29	1847	24	16	24h	2h	AT2G24200.3	4333494	4001480	3810304	3860250	3906665	3589998	3741109	3609562	4108828	4183727	4227321	4318001	5893360	4748836	8111883	7578034	4087022	24966617	15346823	19749394
AT5G20960.1	AAO1, AO1, ATAO, AT-AO1, AOdelta, AtAO1 - aldehyde oxidase 1	7.81E-07	11.34	309	7	7	24h	4h		11650	10804	9246	13904	22565	20330	13793	13833	11964	12743	27377	20332	15136	4539	15511	26459	20307	478463	193035	253499
AT4G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTF1 - glutathione S-transferase 6	9.04E-07	27.36	1307	16	9	24h	0h		2057760	2329200	2445280	2364243	2808801	2400332	2255495	2996215	2733183	3985021	4862537	4517580	10182820	8335453	16670050	18667917	3815572	84479725	45085682	57337420
AT4G30510.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.02E-06	7.82	409	8	8	24h	2h	AT4G30550.1	397461	280220	358651	341136	283981	348808	372631	321956	373202	630521	494965	444521	832436	391003	1065376	687872	567916	3031991	2220904	2364410
AT4G20830.1	FAD-binding Berberine family protein	1.04E-06	6.52	492	10	8	24h	2h	AT4G20840.1	164252	164251	126693	102415	165948	116534	109259	153465	133942	176322	159459	152877	196342	168409	241917	232842	154138	1117506	631878	761260
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	1.44E-06	5.32	471	10	6	24h	4h		406483	286779	283069	370687	286140	249659	246173	274608	283914	364240	324314	314835	469786	370914	486257	517520	405433	1916304	1020444	1367380
AT3G47250.1	PAF2 - 20S proteasome alpha subunit F2	1.58E-06	2.29	99	2	2	24h	4h		140803	132472	141386	137485	111644	116517	95450	111637	114317	136455	114595	120909	139930	118140	124130	138703	122665	273333	238743	223132
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	1.81E-06	4.89	584	11	9	24h	4h		462385	449169	421516	500828	340848	391616	374046	367697	363036	546058	408882	351553	607631	417296	713539	515981	443912	2169056	1455943	1753179
AT3G13790.2	ATBFRUCT1 - Glycosyl hydrolases family 32 protein	2.03E-06	21.91	145	2	2	24h	2h	AT3G13790.1	3035	5169	3564	4524	2831	3934	6788	8267	3986	6822	7559	6454	7427	13122	9404	11075	8170	129799	36507	81008
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	2.04E-06	4.04	463	7	7	24h	4h	AT2G17630.1	433507	407744	376669	401782	337930	380821	324443	327226	306648	451727	404415	373612	578922	465442	786500	614393	478548	1643727	973106	1250267
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	2.12E-06	18.48	922	10	8	24h	0h		518497	719737	499102	445340	555618	502538	531385	515593	582168	657969	805339	827396	1542425	1457371	2168177	2419187	709517	14265415	5143492	8374372
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.13E-06	3.92	866	13	13	24h	4h	AT5G65750.1	866476	775264	692279	761334	604056	678305	651620	562789	692415	820780	766875	662909	941148	841333	953285	850732	863259	13193980	9369592	10889371
AT4G04610.1	APR1, APR, PRH19, ATAPR1 - APS reductase 1	2.21E-06	52.47	175	2	2	24h	0h	AT4G21990.1	3586	2167	4901	6426	1462	4518	12690	19708	8015	23912	29205	23745	50514	35508	170114	199456	36200	198940	204754	155360
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	2.41E-06	10.07	916	11	9	24h	4h	AT1G53080.1	1096705	1402588	1004899	1023128	1040496	1026454	983808	944412	1143022	1361245	1405289	1559761	2529114	2475225	3510946	4292247	1293328	12244479	7236813	11453154
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST1, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTF11 - glutathione S-transferase 7	2.47E-06	41.56	1466	20	13	24h	0h		820664	1040193	975322	879440	1798386	1273387	1077105	1599870	1294553	1676182	2222258	2231590	5308926	4574693	9160152	11590707	1719335	48203589	28968084	37003484
AT1G21130.1	O-methyltransferase family protein	2.54E-06	14.63	697	11	7	24h	2h	AT1G21130.2	148908	120260	183113	131999	90964	145885	211467	167558	140829	671001	881157	522690	1417297	1060603	2269275	1718089	433169	19498888	1723101	1724354
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	2.73E-06	17.24	520	9	7	24h	0h		76979	76749	66988	69150	109179	63945	78029	87757	70280	57349	78279	77486	149308	120335	294295	236081	63491	1426214	1047017	1199837
AT5G54500.1	ATQ3 - Ribosomal protein L4/L1 family	2.96E-06	17.41	463	9	7	24h	4h	AT4G27270.1;AT5G54500.2	526017	451990	387627	395385	390584	390564	350954	1102980	369177	492850	480400	490115	749050	564363	1565358	1450874	521507	9287327	6280333	6854562
AT4G16470.1	PAB1 - proteasome subunit PAB1	3.40E-06	3.16	222	2	2	24h	4h		344640	290014	259216	322482	242190	226661	259709	232803	237431	313281	283540	283151	291401	251769	391880	318701	264231	886650	658167	764111
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	3.46E-06	9.22	709	10	10	24h	4h		372676	385529	519153	480795	493862	431041	442355	447335	408412	542662	652804	500478	961901	804651	1648772	2008750	562143	4548094	3441931	3789356
AT4G26970.2	ACO2 - aconitase 2	3.48E-06	4.02	1204	16	13	24h	4h		1044210	1001820	959101	1094108	909626	868204	839004	870222	874433	1185542	932686	1004650	1399290	1037416	1671055	1723680	1006210	4772587	3719943	4450259
AT4G22400.1	UGT85A1, ATUGT85A1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	3.49E-06	11.31	70	2	2	24h	0h		21166	12129	11870	16511	23047	17575	15455	16185	16343	18800	12345	14942	18277	19705	22360	23366	11411	243806	88316	178599
AT3G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	3.65E-06	4.75	1512	27	27	24h	4h	AT3G53230.1;ATSG03340.1	1907168	1685245	1702774	2068670	1487738	1654920	1695815	1652032	2384370	2259551	1451701	2587835	1838703	3713620	2848422	2135606	10344652	7733533	6636976
AT1G26420.1	Zinc-binding Berberine family protein	3.73E-06	36.00	234	4	1	24h	0h		1099	415	354	1113	1927	2194	1798	2256	1721	2923	3332	3273	1746	3759	5748	2413	3108	21611	11996	23963
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	3.98E-06	5.77	234	5	4	24h	4h		114407	117209	126376	136808	122551	93829	88566	83343	122927	136825	114739	137577	198343	146669	237873	212753	130265	670709	399850	629965
AT4G21580.1	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	4.00E-06	3.57	486	8	8	24h	4h	AT4G21580.2;ATAG21580.1	325822	286811	239881	293443	304738	276354	239006	229771	261968	297813	297879	302685	365070	284265	397774	298630	313906	1125751	639848	843515
AT4G24100.1	UGT74B1 - UDP-glucosyl transferase 74B1	4.21E-06	4.34	87	2	2	24h	4h		43678	41010	49609	47027	36632	45590	34806	25113	34323	54289	42822	32776	62824	47131	68427	60167	61335	160384	107364	141467
AT1G22920.1	CSY2A, JAR3 - COI1-phytojasmonate 5A	4.62E-06	5.25	22	1	1	24h	4h	AT1G21130.1	46673	29700	30241	31258	16200	22568	16301	31058	31271	30976	31442	36166	40641	31221	48082	37809	30234	128456	117872	112114
AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	4.54E-06	3.91	428	7	7	24h	4h	AT4G36580.1	527085	480620	460097	530904	510427	495363	497960	464784	447471	575319	497390	501067	666863	467252	610175	519091	519951	2631863	1268634	1610677
AT3G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	4.71E-06	2.91	1089	15	14	24h	0h		1136826	1228558	1226902	1186203	1435483	1450733	1273134	1237669	1437749	1491026	1457030	1688081	1723990	1721940	2014773	2181791	1501361	4237401	2743812	3485024
AT5G39050.1	KMD3-type acyl-transferase family protein	4.82E-06	53.39	4	129	4	24h	4h		4666	5082	3167	7179	2572	6641	1870	4946	12385	11114	6235	20316	10731	4539	17786	12471	332482	149678	137945	
AT1G20630.1	CAT1 - catalase 1	4.94E-06	2.95	126	2	2	24h	4h	AT1G20620.1	187947	178755	160733	158146	135529	149791	135405	145894	156237	153662	141690	155865	158063	207330	164356	198109	158601	5603565	3232500	3697486
AT4G02520.1	GSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	5.22E-06	7.83	820	11	6	24h	4h	AT4G27270.1;ATSG45500.1	5310187	5660994	4581388	5632964	5713141	4173784	3946501	4589515	4258504	5543520	6290015	4788758	9083815	6265089	13246222	16016515	5637087	40785677	26268145	33162830
AT5G47410.1	SOT16, ATSOT16, ODA-7, ATST5A - sulfotransferase 16	5.41E-06	4.55	250	5	5	24h	4h	AT1G18590.1	46482	60307	64739	75279	94486	84735	68120	79852	88493	97137	95912	149467	132254	238161	144759	114454	238467	251831	290109	
AT3G44290.1	anac060, NAC060 - NAC domain containing protein 60	5.55E-06	7.40	22	1	1	24h	0h		118252	142836	177530	179643	173899	171295	151118	223704	195942	175236	213960	166234	283250	202500	422930	375204	161535	1225017	1118842	903216
AT2G17420.1	NTRA, ANTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	5.91E-06	4.00	126	3	3	24h	4h	AT4G35460.1	153799	207682	209669	231359	264447	257378	207847	195429	239456	226073	214405	235446	231112	248232	333436	296530	227651	1067095	604891	613735
AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	6.07E-06	3.00	127	2	2	24h	4h		469318	544109	348921	313322	385354	407613	435966	446845	351014	469769	492970	472020	539701	584408	578551	645753	599469	1330055	1088742	896409
AT3G19510.1	HAT3.1 - Homeodomain-like protein with RING/FYVE/PHD-type zinc finger domain	6.66E-06	31.51	213	4	1	24h	0h		3247	1595	4803	3898	2529	3215	2813	4486	5854	3327	1378	1066	3941	5468	12178	5161	3658	59073	57096	65678
AT2G43570.1	CHI - chitinase, putative	6.86E-06	159.84	235	3	3	24h	0h		3069	6606	7879	10538	12582	5218	6746	4130	9196	5606	6743	4734	26283	12747	120293	114876	7658	1031244	760356	939085
AT4G00370.1	ANTR2, PHT4:4 - Major facilitator superfamily protein	7.05E-06	6.15	23	1	1	24h	4h		21967	12052	16350	11666	87384	74959	71256	80636	84986	121251	131187	110381	192046	138860	198220	266435	124257	482547	442021	451201
AT3G49120.1	ATPRXH34, PERK34, PRXCB, ATPCB, PRX34 - peroxidase CB	7.43E-06	7.54	723	8	7	24h	4h	AT4G08780.1;ATI3G49110.1	1247090	1665370	1299700	8902221	1392031	1221335	953522	951993	1005157	799570	1076383	1478511	989807	1653967	1371624	1622620	934062	9706969	4699375	7527618
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	7.67E-06	4.81	202	4	3	24h	2h		53880	65002	47449	39553	58750	52068	49572	44326	63473	52708	59871	65883	89051	77951	75572	95251	68126	350143	175526	197544
AT3G54640.1	TSA1, TRP1 - tryptophan synthase alpha chain	8.00E-06	7.51	648	9	9	24h	4h		1341158	1446634	1454547	1632952	1952278	1972348	1496439	1914624	1672681	1632958	1937792	1804218	2744168	2222227	4367129	4475596	1454275	11343303	8661084	10202030
AT1G68620.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.72E-06	18.93	254	4	4	24h	0h		19965	20650	35269	21879	53962	25108	22818	31017	21958	13988	24694	32523	26564	30878	25192	55423	24648	666828	222307	458632
AT3G28930.1	AGI2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	8.87E-06	14.12	232	2	2	24h	0h		26489	53549	35847	49343	51427	41655	40807	52058	46734	54572	67390	47185	120084	83522	180811	222635	53324	684144	429552	522260
AT2G01110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	9.76E-06	2.36	666	9	9	24h	4h	AT5G06460.1	549879	461831	581315	625679	577367	585653	562065	587572	518596	592923	587845	522262	573200	573810	764491	707851	519398	1484604	1154904	1127886
AT4G30830.1	Succinyl-CoA ligase, alpha subunit	1.02E-05	3.08	493	6	6	24h	4h	AT5G23250.1	214454	816123	744812	722997	800302	702653	821253	730228	787101	820353	826691	715613	877049	796264	871666	898325	745077	3284656	2793823	3163964
AT4G25220.1	AS81, TRP4, WEI7 - anthranilate synthase beta subunit 1	1.02E-05	18.66	379	6	6	24h	0h	AT5G57890.1;ATI2G48070.1	52032	59890	104651	85440	84684	70170	93828	97983	105663	120330	144397	117796	218076	194671	439670	438895	91703	1722054	997889	1321029
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.09E-05	3.98	468	8	6	24h	4h	AT3G19480.1	409661	484562	483751	531994	514055	517905	483483	580285	471503	490849	495626	518115	508225	587515	706091	934568	422470	2212815	1447545	1822910
AT5G42080.1	ADL3, ADL1A, ADL6E, DRP1A, BVI1, BVI1 - dynamin-like protein	1.19E-05	11.27	22	1	1	24h	4h		18433	17206	18168	14374	14227	18003	16521	11840	17031	8040	24703	18966	17206	16189	22767	14505	21405	283182	101073	127232
AT2G31390.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.21E-05	5.29	350	5	5	24h	2h	AT1G06020.1	143870	165662	119431	155891	97569	97483	111524	106457	139787	129295	146567	130026	170975	127190	188216	178130	129369	894904	412958	547872
AT1G43080.1	Pectin lyase-like superfamily protein	1.23E-05	71.19	25	1	1	24h	4h		3185	2913	1636	1177	1689	518	543	625	501	2071	380	326	2478	1720	3289	1634	1008	60895	31547	26409
AT5G27380.1	OSH2, OSH6 - glutathione reductase 2	1.29E-05	2.97	948	6	6	24h	4h		30145	28263	37438	32586	31846	31879	27498	30511	32644	36479	36981	29254	40496	35768	51499	59194	40709	1131148	787608	894449
AT5G20080.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	1.33E-05	2.57	47	1	1	24h	4h		163202	151862	151945	147296	126278	136985	113346	139880	145475	147829	163327	135325	147003	127969	192090	241500	138608	332914	330184	363554
AT3G36880.1	ACS - acetyl-CoA synthetase	1.36E-05	5.08	698	9	8	24h	4h	AT3G36880.2	276632	288077	269408	285744	384367	306652	271664	273059	275433	307053	289292	328674	425727	337708	710246	504437	315646	2003993	1024876	1138319
AT4G27510.1	ATPDIL1-2, PDI9, ATPDI9, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	1.36E-05	10.83	343	6	4	24h	4h		22454	14787	22005	23458	20454	16283	22471	16913	20604	13430	21228	29000	28754	24874	66540	53010	46223	334220	117843	197898
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	1.63E-05	2.54	459	6	6	24h	4h		1095070	961413	1030761	1066897	1157114	1052990	941604	930327	1051560	1110917	990931	1038256	1084282	1115457	1298975	1284354	1100136	3359063	1965773	2096827
AT2G36060.1	MM23, UEV1C - MMS ZWI1 homologue 3	1.79E-05	32.05	22	1	1	24h	2h		1409	1677	687	1137	1610	806	1042	898	2500	2335	1095	3419	835	2190	4609	2870	1265	48400	38952	26544
AT5G02780.1	GSTU1 - glutathione transferase lambda 1	2.00E-05	13.02	241	5	5	24h	4h		18682	21041	41262	27207	60815	37151	37054	34907	30813	25503	22740	33909	30481	38802	76691	52140	23775	501142	306204	262551
AT5G40760.1	G6PD6 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 6	2.08E-05	14.04	136	2	2	24h	6h		9379	4774	6023	9028	7953	6298	4174	6785	8179	5207	4775	3747	4670	9187	18756	14726	4942	64060	63729	64889
AT1G51760.1	IAR3, IR3 - peptidase M20/M25/M40 family protein	2.59E-05	9.71	152	3	3	24h	4h		35773	41837	25474	24624	56565	22099	33268	29405	38068	39562	31643	44805	50167	56012	79401	102345	39729	414891	213184	350093
AT2G44350.1	ATCS, CSY4 - Citrate synthase family protein	2.73E-05	2.35	477	7	7	24h	4h	AT3G60100.1	967551	830192	849978	939166	795824	790018	800771	704474	896577	836104	736218	833430	942871	795398	999554	868813	805832	2371789	1490260	1789782
AT4G16760.1	ACO1, ATAC1 - acyl-CoA oxidase 1	2.76E-05	6.33	547	10	10	24h	4h		462279	391696	343449	362742	334692	414672	367525	415518	381430	439020	409518	432188	583447	513615	708769	615788	360358	3431200	2429506	2537915
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	3.13E-05	3.27	58	1	1	24h	0h		22528	20965	27647	33285	31614	41453	21376	35706	32877	30280	36041	30670	48698	38526	85602	41444	73973	75896	82406	
AT4G15530.1	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	3.15E-05	3.66	503	9	9	24h	4h		660936	443718	415647	441553	534502	374683	378542	407753	506975	446158	425413	481325	502829	527458	509103	574158	363618	1778634	1102317	1847381
AT4G08390.1	SKS9 - stromal ascorbate peroxidase	3.16E-05	2.11	175	2	2	24h	4h	AT4G08390.3;ATI4G08390.1	516426	460317

AT1G20240.1	SWI-SNF-related chromatin binding protein	1.81E-02	4.15	28	1	1	0h	10h		36998	41331	18782	39956	14156	8918	16576	39801	21058	25774	36225	29421	24992	21168	7008	6468	9948	11757	16117	20550
AT1G09490.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.98E-02	2.17	73	1	1	0h	2h		18534	16864	19155	12098	5103	7962	10671	11218	14957	15839	8903	9320	8658	11191	10357	10987	15152	15326	17407	15252
AT1G20480.1	ATP8, P8 - ATP synthase subunit beta	2.04E-02	2.54	288	2	2	2h	10h		6034885	7434547	5711358	6920206	13604214	8545768	7188677	7855575	8471865	4439548	5754136	8167633	6500870	9454139	4698670	4092236	2675539	6431219	4002706	6843991
AT1G66200.1	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	2.25E-02	2.20	117	2	1	4h	0h	ATSG35630.1;ATCG66200.1	32485	90845	91964	132542	159551	153291	168459	157756	148471	99454	128445	246505	108132	146950	79831	117028	87421	79899	80543	69142
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	2.26E-02	2.40	112	2	1	4h	0h		3706	5978	4705	6843	8866	6188	9922	14593	9987	7326	9714	9100	7464	7997	7802	6250	5194	6782	8840	3644
AT5G62750.1	BGLU8 - beta glucosidase 8	2.28E-02	2.48	71	1	1	8h	4h		6288	4974	9017	4671	6010	5146	3686	2726	3089	3761	3825	2175	10860	4852	2827	3170	7071	9806	5686	7854
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	2.39E-02	2.53	724	13	1	10h	0h		7873	8283	10130	8123	16203	7802	14907	14431	12706	8152	13713	8965	9786	13094	29019	14149	23462	19261	11372	15067
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	2.47E-02	2.69	87	1	1	0h	2h		108682	93273	57176	49105	14685	32560	46545	39802	49004	45768	52876	50662	68957	60165	48895	28723	45829	77876	53209	54313
AT5G27710.1	ABI3, ARAR3 - RING/U-box superfamily protein	2.53E-02	4.88	26	2	2	6h	10h		86460	56332	15312	40172	18177	16093	17220	78605	33066	37133	79777	50005	30123	44373	10322	5774	18122	9824	12537	13503
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	2.57E-02	3.10	35	1	1	0h	4h		74351	71331	58517	23545	15033	41119	26548	15998	23331	52464	16689	29199	49755	36706	37113	31866	60505	48354	34800	41536
AT1G23310.1	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	2.77E-02	2.56	146	2	1	2h	8h	ATIG70580.1	86520	130005	154519	186772	215553	412798	262122	260916	243545	177260	127147	268993	122097	94970	147485	174683	117030	105516	209521	146836
AT5G14700.1	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	2.85E-02	Infinity	70	2	1	2h	0h	ATIG52000.1	0	0	0	1224	0	9737	0	0	0	60	0	0	0	0	0	0	0	128	16	8650
AT2G23600.1	ACL, ATMES2, MES2, ATME8, ME8 - acetone-cyanohydrin lyase	2.89E-02	3.30	28	1	1	8h	4h		45278	37255	21335	34009	15142	14609	16019	9617	11777	29046	15350	30460	42329	39861	24855	17080	34060	26781	21278	31372
AT3G14420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.96E-02	2.73	32	1	1	2h	0h		35780	30100	21868	91524	48696	99447	64203	67508	60177	76755	36232	90960	60057	34961	43707	48455	55676	55697	48841	65966
AT1G37130.1	NIA2, BZ9, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	3.00E-02	66.40	57	1	1	2h	0h		0	1093	2946	96835	103422	67957	33592	65081	43131	21287	35737	5896	39155	46213	4318	2280	1494	1902	17116	62
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	3.04E-02	13.81	41	1	1	0h	2h	AT4G14960.1	11910	10446	3542	687	1063	126	3682	7141	1077	1124	5438	1268	930	2839	3302	3590	5176	417	3329	580
AT4G27450.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	3.22E-02	5.93	58	1	1	0h	6h		355728	217149	57084	52606	51939	43396	23604	46174	60281	20478	42028	43791	56756	55665	33180	50722	49148	32584	51853	76135
AT2G18700.1	ATTPS11, TPS11, ATTPS8 - trehalose phosphatase/synthase 11	3.22E-02	2.42	27	1	1	2h	10h		37242	38347	30486	44016	60089	29672	34879	40517	28091	32400	18000	20604	32386	27846	20692	19306	15375	9311	32890	17046
AT5G64570.1	XYL4, ATBXL4 - beta-D-xylosidase 4	3.26E-02	6.08	42	1	1	0h	6h		5534	14929	10037	4139	2680	3077	3554	195	1531	0	5015	0	9761	2215	5046	7475	7503	4762	4021	2763
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	3.32E-02	3.52	64	1	1	0h	8h		25081	23037	16063	10979	7824	9407	10238	13720	11805	14374	7154	12364	2816	9333	12755	10325	19534	8371	18600	11984
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	3.52E-02	11.40	67	1	1	0h	6h		78935	46746	34596	12693	40351	40262	13431	8273	9036	4840	1380	7836	15970	22483	19765	22484	3281	23355	2018	12558
AT1G15810.1	IAA5, ATAUX2-27, AUX2-27 - indole-3-acetic acid inducible 5	3.55E-02	4.26	25	1	1	8h	0h		6943	3022	9941	9568	31352	9237	19769	29410	33507	21200	24221	17792	17664	38800	21264	33633	14811	1709	14070	9119
AT1G62480.1	Vacuolar calcium-binding protein-related	3.67E-02	Infinity	34	1	1	0h	2h		200047	23986	1968	0	0	0	6286	159	1288	12188	15199	18342	3295	24521	0	9940	12494	20605	0	12883
AT2G36230.1	APG10, HSN3 - Aldolase-type TIM barrel family protein	3.73E-02	2.25	29	1	1	8h	4h		7311	7438	6908	9596	7466	5693	3528	4055	3988	5900	6654	5722	9288	8060	4451	2390	7244	13264	6661	6045
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	3.79E-02	3.01	108	2	1	0h	4h		36672	19223	23842	16251	5493	5942	4404	14026	8051	11503	12170	2870	26722	19932	26263	15119	12116	13908	23900	26593
AT5G57160.1	ATLIG4, LIG4 - DNA ligase IV	3.80E-02	2.15	22	1	1	2h	6h		25009	24374	30920	21479	31670	39935	19025	32565	30281	11465	15627	16149	23485	16950	29828	15364	26625	17577	21297	17215
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	3.83E-02	2.86	37	1	1	6h	10h		108377	65122	38635	30354	30225	28099	33106	25356	30438	71767	97566	78306	17389	55693	14999	27376	44140	23288	38836	61657
AT5G27830.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	3.96E-02	2.38	35	1	1	0h	2h		214000	303475	320826	137743	68841	146159	126338	120457	162457	190710	218258	138398	186567	81891	214108	134369	239649	240271	252190	164661
AT3G12290.1	Amino acid dehydrogenase family protein	4.27E-02	2.49	68	1	1	8h	4h		15777	21518	24078	19689	10532	11536	6371	9903	15673	9480	10710	15032	23984	29072	10485	15496	12066	34680	12911	18934
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	4.40E-02	6.81	26	1	1	4h	0h		3042	5552	10023	10352	22658	18536	23821	76439	26529	33320	14773	23053	12945	12564	22702	32837	15768	9095	29060	2964
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	4.44E-02	2.33	44	1	1	8h	4h		60379	31442	50489	30754	13296	23619	18492	21844	21849	31681	24340	15433	68769	27809	61747	25751	52177	37832	39465	41251
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	4.48E-02	2.05	70	1	1	8h	10h		154756	120316	133370	191505	211106	139237	106552	125724	149032	177879	148225	197581	219711	176576	78474	66442	144610	90381	120666	183567
ATCG00065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	4.51E-02	2.35	35	1	1	10h	2h		41045	45380	41882	23085	12593	29186	30857	31173	19332	30821	38230	18746	38029	37465	46719	56410	49261	19276	47507	23525
AT1G10520.1	AHB2, GLB2, ARATH GLB2, NSHB2, ATGLB2, HB2 - haemoglobin 2	4.51E-02	2.78	39	1	1	4h	8h		14339	17210	14487	16972	19589	10239	24708	24513	16740	13032	22230	9054	7995	7798	25858	13693	16391	5795	16025	6374
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	4.94E-02	2.02	91	1	1	0h	8h		55782	61634	54587	34300	46995	51180	31588	35058	41996	26467	26042	42928	28324	28359	28008	50389	45770	63190	32994	56189

Tabelle B5-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit Col-0 DD

										Normalized abundance															
										0h		1h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max F change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Highest Protein	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
AT1G66700.1;AT1G66690.1;AT1G66700.3	PXMT1 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.65E-09	16.25	602	11	11	24h	4h	73637	63884	53241	76057	71280	66345	57066	59447	69668	81942	52411	62551	75525	66828	124059	97876	80291	1147861	627444	1249759
AT2G45220.2;AT4G02300.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	6.04E-09	49.92	779	9	9	24h	6h	116150	71040	51182	55941	56246	57950	46836	44060	63191	40458	50078	63307	74788	44381	37508	77782	94887	3181745	2182819	2315230
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	7.22E-09	13.98	847	15	15	24h	6h	145236	142541	171352	178882	171709	158617	111937	153180	153642	125606	122616	120762	195372	176907	317403	210074	151728	2232420	1567328	1359649
AT5G63680.1	Pyruvate kinase family protein	2.54E-08	14.09	399	9	4	24h	4h	40270	39225	33036	28977	32957	36661	40578	31337	25947	33212	48160	40939	47473	39866	66133	70109	36956	604303	436919	337399
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	3.85E-08	7.25	425	9	9	24h	4h	241102	254869	235265	246906	214742	225696	206950	209526	191441	278825	230556	215626	369436	284862	484293	387279	244354	1667252	1245002	1494817
AT2G20210.1;AT2G20200.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	4.71E-08	20.03	964	18	11	24h	2h	147330	158902	139200	119832	166455	147691	178305	174247	145825	278174	318499	245222	618784	480638	741212	719771	275386	3858615	2587933	2247576
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH3A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	9.78E-08	15.15	1949	30	28	24h	2h	890704	924229	946020	1157087	1068447	972763	1093318	919970	931186	1250278	1209055	1073954	1988702	1485172	3451269	3278162	1415080	19758280	9814163	12242499
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	1.08E-07	17.65	585	9	9	24h	2h	90015	107752	169343	155666	104872	68698	84006	95030	107552	160944	155666	155767	278836	219636	385066	489201	166209	1796200	1020181	1524092
AT5G58890.1	Thioredoxin superfamily protein	1.41E-07	35.36	435	8	8	24h	6h	64375	61154	85215	58973	65827	86149	61745	69021	79733	59928	76695	68430	112834	97059	292620	209698	65943	3427095	1753132	2071161
AT4G30530.1;AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.66E-07	6.77	670	11	11	24h	2h	485066	392036	495628	438596	403808	465965	515815	447534	526948	802753	638142	599412	1067636	608976	1263351	933136	719369	3265706	2569293	3025332
AT1G67980.1;AT1G67980.2	CCOAMT - caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase	1.69E-07	49.16	184	3	3	24h	6h	18228	5449	6250	6250	7394	4319	6700	6034	5060	3457	5137	2592	6729	6138	6204	4456	4864	105547	189263	255047
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.72E-07	8.25	727	14	12	24h	6h	205489	257917	235989	260939	261743	258506	222424	271227	234705	294015	309867	260924	499900	461601	789320	759499	327835	1964866	1661929	2143324
AT2G29350.3;AT2G29350.1	SMO13 - sermesine-associated gene 13	1.73E-07	37.61	50	1	1	24h	6h	8248	11434	12843	11366	13517	16388	11173	12639	10919	12969	13587	19393	44775	29125	90240	76028	19620	441646	340008	439726
AT5G45500.1;AT5G45500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	2.38E-07	22.95	534	11	4	24h	4h	369513	340386	261295	313734	286535	263830	241585	295982	228270	334652	310804	276667	556281	381233	1180802	879703	357391	8624591	4090768	4857348
AT2G21620.1;AT2G21620.2	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.45E-07	6.36	360	6	6	24h	4h	233708	246515	190797	154442	176415	172183	135107	114210	188938	178786	181024	210202	172504	196519	168687	235029	243204	1165439	695433	927344
AT5G20960.1	AAO1, AO1, ATAO1, AT-AO1, AOalpha, AtAO1 - aldehyde oxidase 1	2.73E-07	27.64	499	8	8	24h	8h	12844	13363	18762	21478	27941	21090	21158	16581	12780	13526	29022	22575	16522	8915	19146	27626	21270	560678	203606	290488
AT5G56350.1;AT5G42639.1	Pyruvate family protein	2.83E-07	5.98	472	10	10	24h	4h	393430	336408	249427	310571	299809	274422	260223	255247	302016	313004	316285	333663	417850	339783	414961	410119	354546	2326146	1245856	1316699
AT1G74590.1	ATGSTU10, GSTU10 - glutathione S-transferase TAU 10	3.11E-07	27.35	288	6	6	24h	4h	30942	32019	25423	24537	62344	30115	21695	31229	28063	19179	32176	34639	30927	23496	64585	67088	25120	979908	558365	676482
AT2G26390.1;AT2G34810.1	FAD-binding Berberine family protein	4.49E-07	38.69	938	19	8	24h	8h	120640	56132	71854	79471	45308	101261	52134	54732	68095	72583	63585	35015	59703	41150	71679	66764	62303	3513860	1110056	1227532
AT5G39050.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	4.56E-07	29.43	417	9	9	24h	4h	19447	15136	26898	26924	16379	18171	14276	29492	15308	29906	26788	14795	46102	28280	103028	63286	35432	783018	403760	552084
AT3G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	4.64E-07	16.47	435	8	8	24h	4h	51248	39588	37605	46191	57446	30667	35844	42602	32944	40749	46634	37544	67854	42446	105321	95714	44182	868213	426071	539822
AT5G05730.1;AT5G27690.1;AT5G05730.2	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, ID1.1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	5.05E-07	14.48	684	13	13	24h	4h	249314	220944	242880	260642	212242	305526	207249	211772	216613	307589	214721	227952	479005	237520	829582	566466	297314	3635362	2194785	3376660
AT4G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	5.45E-07	24.23	1097	20	13	24h	0h	1429895	1623952	1617027	1697250	1721741	1540444	1575698	1865060	1706666	2485421	2915001	2643283	6107500	4701971	9695842	9668133	2516097	55312077	26631787	31243170
AT1G18070.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	5.92E-07	1.59	382	9	9	24h	4h	165282	164109	171763	191797	208186	179632	188086	199990	193956	213523	201350	214832	224054	215592	235180	226170	211544	279286	260994	257775
AT5G40760.1	GDPDL4 - glycerophosphodiester dehydrogenase 6	7.53E-07	16.15	323	6	4	24h	6h	11163	6512	7051	11525	9147	6412	5246	7526	8796	6034	7113	5234	9102	12641	26986	19292	9056	106794	92077	98018
AT2G24200.1;AT2G24200.3	Pyruvate family protein	8.08E-07	5.19	1760	23	17	24h	2h	4354000	4026492	3866543	3861137	4029001	3656763	3803293	3696864	4215482	4193163	4256661	4451484	5918263	4901966	8087610	7851330	4088487	24731549	15345450	19897062
AT3G13790.1;AT3G13790.2	ATCWINV1, ATBFRUCT1 - Glycosyl hydrolases family 32 protein	8.77E-07	25.97	198	3	3	24h	0h	3033	5180	3567	5411	4662	3929	6793	8277	3993	6822	8591	6480	8650	14564	14194	17219	8155	128124	49756	128077
AT5G02360.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	1.14E-06	2.32	864	15	15	24h	0h	607758	590669	616567	708079	612980	612485	581229	680320	651950	689114	649363	551402	743183	695330	857908	921657	675442	1543875	1327961	1336417
AT5G55410.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.14E-06	4.24	1496	23	16	24h	4h	755155	592043	667903	763203	688934	609139	588324	598681	661664	731845	662704	627595	844065	633359	821239	765530	740643	3580465	1863558	2353026
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	1.32E-06	16.94	1144	15	10	24h	4h	681971	939887	644585	604026	706377	668733	657296	641423	748496	860962	1032622	1047912	2052818	1758674	3020260	2802507	915582	15760634	6622652	11138539
AT3G48730.1	GSA2 - glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 2	1.47E-06	2.96	1395	25	15	2h	2h	24h	3697191	2876928	3669894	3885413	3735663	3448922	3328736	3324991	3219135	3477306	3101370	3164156	2942211	3018641	2877734	3096423	3076145	1269314	1569013	906700
AT1G22410.1	Class II DAHP synthase family protein	1.47E-06	304.21	196	3	3	24h	0h	87	538	323	12423	24731	8962	14091	28073	8310	12705	20115	14282	23009	22406	37763	50576	14381	150609	98186	95909
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	1.64E-06	4.99	643	14	7	24h	4h	397462	288663	250234	326581	277294	262539	256095	267947	269060	306731	316004	312221	446492	360149	461553	478151	361652	1843099	947936	1169567
AT3G09840.1;AT3G53230.1;ATSG03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.96E-06	4.48	2046	36	36	24h	2h	2400024	2146685	2128002	2511295	1862625	2035263	2283618	2154184	2003606	2906024	2776649	1846308	3141296	2266063	4621910	3596610	2685395	11131146	9567001	7994149
AT2G17420.1;AT4G35460.1	MTHFR, MTHFR2 - NADPH-dependent 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase A	2.11E-06	3.14	511	7	7	24h	0h	253907	334265	307418	391426	464645	413908	346475	337263	384892	349128	348708	393261	387119	400199	522549	562856	355073	1008726	907055	1000017
AT4G04610.1;AT4G21990.1;AT4G21990.2	APR1, APR, PRH59, ATAPR1 - APS reductase 1	2.22E-06	52.15	140	2	2	24h	4h	3584	2172	4906	6421	1467	4512	12699	19734	8028	23910	29205	23843	50409	35590	170016	200197	36131	196373	204396	155269
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	2.25E-06	5.71	425	8	8	24h	4h	150741	146023	152556	170329	158911	121812	116401	115243	146013	165401	162739	248868	166791	291701	242159	171575	900757	4894312	765077	
AT1G52980.1	GTP-binding protein	2.40E-06	3.71	24	1	1	24h	0h	19563	16318	17748	18974	18359	22839	15574	17022	24482	27801	26434	21608	23981	16117	24405	21212	24942	77430	61892	59490
AT5G54810.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	2.49E-06	9.21	785	11	4	24h	4h	612015	570575	706665	690727	693448	631924	642855	820572	544601	790690	910564	654778	1301285	1154937	2401505	2672441	854361	7154064	4947305	5298266
AT2G43570.1	CHI - chitinase, putative	2.56E-06	88.40	363	6	6	24h	0h	9439	16853	14169	16053	18940	12002	12313	13096	11728	15252	14696	43164	24706	126472	129406	19681	1759680	781551	1035467	
AT4G16760.2;AT2G35690.1	ACX1 - acyl-CoA oxidase 1	2.62E-06	7.19	790	16	16	24h	4h	494617	404111	390669	355528	442223	403758	431085	379441	399083	472483	386635	440349	550305	507794	712712	814786	422368	4387367	1758900	2147680
AT4G03080.1	BCL1 - BIR1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	2.73E-06	3.14	340	8	7	24h	0h	127627	92324	124170	105027	101436	80019	117694	119966	88182	109821	106567	117213	112720	114845	110567	140373	116132	341653	260817	296165
AT3G15356.1;AT3G53080.1	Legume lectin family protein	2.82E-06	10.67	974	19	15	24h	2h	1027938	1369387	962888	961950	974408	947601	950145	948353	1065905	1267253	1316567	1521957	2626910	2554983	3593096	4519732	1233417	10827204	7688318	12259075
AT5G27380.1	GSH2, GSHB - glutathione synthetase 2	2.82E-06	2.94	562	11	11	24h	0h	346854	326170	419030	440650	358008	369104	329306	404860	371049	425663	421456	333472	537417	440070	605506	667598	470710	1259134	950805	1000017
AT4G02520.1	ATGSTF7, GSTF7, ERD14, GST22, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	2.86E-06	7.43	1075	20	9	24h	4h	5967361	6521504	5237912	5565648	6830443	5130962	4655595	5143874	5307607	7011470	6704083	5795296	10228027	7815581	16432891	19202074	6568133	38294031	33708092	40183291
AT5G02780.1;AT5G02780.2	GSTL1 - glutathione transferase lambda 1	3.12E-06	24.12	368	7	7	24h	6h	29671	28914	33142	38203	18499	37519	38262	26062	22553	24028	35093	40832	91499	59138	19204	807241	452633	492479		
AT3G44290.1	anac060, NAC060 - NAC domain containing protein 60	3.53E-06	7.04	21	1	1	24h	0h	124461	147081	194981	187641	178071	183783	152672	225971	206272	184842	218398	174162	294077	211185	428302	390213	180848	1237363	1125574	921189
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	3.57E-06	4.46	1657	21	17	24h	2h	1133267	1063945	1055552	1236852	1039840	1042744	1023452	879798	952127	801891	998872	1058860	993479	985475	1407373	1010541	1787753	1680350	1102615	5362281	3159571
AT4G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	3.60E-06	40.11	1141	21	14	24h	4h	667015	769961	844298	705735	1561671	1106028	893640	1354356	1048676	1292820	1677050	1763796	3970385	3624337	6890129	8494985	1322233	40694375	22268866	28540160
AT4G21580.1;AT4G21580.2;AT4G21580.3	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	3.76E-06	3.43	486	8	8	24h	0h	297117	276798	256604	302962	316264	305211	247628	204162	254496	284177	279023	282591	351417	284609	404397	274457	294321	1021701	620964	777305
AT1G68620.1	ATNAP6, NAP6 - nucleosome assembly protein 6	4.04E-06	19.53	236	5	5	24h	6h	24248	27504	36077	26255	49442	28546	18122	34125	20553	34238	24621	26665	27878	34639	28163	52608	19543	606132	226603	407839
AT4G19880.1;AT4G19880.2;AT4G19880.3;ATS	Glutathione S-transferase family protein	4.77E-06	43.23	327	8	5	24h	0h	10683	10745	6440	16381	20155	28934	14922	16109	9519	14089	17557	13993	29379	22672	42537	38846	18782	797945	152194	254270
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	5.04E-06	1.85	1951	30	30	2h	2h	27162639	29937133	30159846	31074373	33798551	31350023	28568601	28430449	33147108	30541132	27208690	33793595	27160675	28583596	23992907	27628500	29567016	1668717	18233098	17157641
AT5G54640.1	TSA1, TRP9 - tryptophan synthase alpha chain	5.26E-06	7.39	611	10	10	24h	4h	1209940	1360465	1365071	1561049	1763834	1452418	1185435	1752126	1515832	1545004	1843697	1615260	2575547	2005450	4020832	3496652	2491158	7981655	5273074	
AT3G19010.1;AT3G19010.2;AT3G19010.3	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.38E-06	4.49	806	13	12	24h	4h	644758	545965	461132	496018	392408	329273	420567	399179	344307	592002	722558	817210	1133578	983084	1656156	1342025	717056	1806947	1456416	1968290
AT2G30110.1;AT5G06460.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	5.40E-06	2.44	1006	17	16	24h	2h	707709	625240	761007	850914	738827	784578	781114	759603	701506	850556	779172	713102	789171	744340	1002452	971556	716132	2017664	1547964	1549294
AT1G01020.1;AT2G34590.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	5.67E-06	3.10	229	6	5	24h	6h	534176	468890	695585	826653	623903	692766	671531	553463	691899	757976	577864	636287	538939	492744	625838	524268	428856	2422272	2615330	1786715
AT5G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	5.84E-06	2.96	1262	17	16	24h	0h	1188944	1286889	1267569	1221333	1472250	1493365	1322799	1299821	1488913	1558459	1503374	1768574	1803450	1771624	2096276	2249043	1568653	4548870	2817923	3705556
AT3G60750.1;AT3G60750.2	Transketolase	5.99E-06	1.56	3336	52	42	2h	0h	120029437	121074108	131074013	132491056	135616985	120789014	112493455	122881905	128165961	118101823	114883381	117710503	119993276	119212681	132028593	125644216	122066259	86324798	87274101	75511239
AT5G16370.1;AT2G19900.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	6.08E-06	5.49	1643	26	16	24h	0h	2282125	2771962	2420307	2596130	3339840	2427644	2233852	2797670	2795057	2858386	3003090	3218189	4184803	4035690	5695565	6936849	3088093	18850145	14609477	15573955
AT3G74100.1	SOT16, ATSOT16, COR-7, ATST5A - sulfotransfer 16	6.15E-06	3.96	213	5	4	24h	0h	69359	89832	82380	116748	133016	94392	67224	89821	95563	143668	127174	118583	216988	153863	269033	168643	162481	331863	292544	327535
AT3G36880.2	ACS - acetyl-CoA synthetase	6.61E-06	5.26	713	12	12	24h	4h	365146	387507	319672	367483	415067	361685	337064	322384	354854	390989	392903	339007	606595	379643	880195	624764	400576	2356452	1323314	1658528
AT3G19510.1	HAT5.1 - Homeodomain-like protein with RING/FYVE/PHD-type zinc finger domain	6.73E-06	31.33	23	1	1	24h	6h	1245	1598	4807	1895	2537	3211	2815	4492	5863	3327	1378	1070	3933	5481	12171	5180	3651	58311	56996	65640
AT4G39970.1	ATGSTU21, GSTU21 - glutathione S-transferase TAU 21	6.81E-06	1.66	588	12	12	24h	4h	1160843	1313708	1226311	1268801	1444330	1182102	1260374	1295286	1344380	1243132	1253490	1301596	1140105	1144	1255698	1047814	1266368	1775520	733420	831111	781999
AT2G31390.1;AT1G06020.1;ATTGD6030.1;ATT	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	7.48E-06	4.69	580	11	10	24h	4h	190227	235531	171742	211203	142858	130534	149791	154102	188290	184284	200274	190258	225471	178875	246062	232915	172150	1025364	523240	726005
AT1G07510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDIL, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	7.87E-06	4.57	659	13	10	24h	4h	151074	156843	137813	126861	121068	179488	131291	111299	135496	161836	149547	155532	196894	198567	270556	219071	201548	817832	564993	552384
AT5G52910.1	Aldolase-superfamily protein	8.71E-06	4.30	2374	35	22	24h	2h	6250720	6216436	5487991	5332247	5112474	5239406	5880522	4890782	4822492	6528523	6213360	6038739	5826610	6852878	6837155	8115553	6424096	13069404	17921009	16407160
AT4G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	8.72E-06	18.83	680	14	7	24h	6h	59482	54798	49875	60723	103174	47854	53202	80193	50381	43883	50533	42556	87004	64488	148087	119557	40360	1329327	528974	720790
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	8.77E-06	1.94	391	7	7	2h	2h	642733	770153	792203	864050	826389	714861	723082	652154	802088	676855	660783	669144	485745	542191	522631	668219	576772	404182	426092	408072
AT1G22400.1	UGT85A1 - glucosyltransferase 1	8.85E-06	7.99	131	4	4	24h	0h	87809	61947	70498	64196	96824	67667	64093	87691	77949	86843	84274	71115	112035	98253	118651	114611	64898	845826	362355	551084
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	9.20E-06	2.46	2731	44	16	24h	0h	1592543	1377034	1536852	1505960	1654676	1404516	1672662	1679028	1623232	1932928	2032261	1813800	2236466	1932216	3176918	2936004	1912202	3532212	3389760	4171932
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase 2	9.30E-06	1.78	701	14	14	2h	2h	24h	3578327	3491517	4223190	4508256	4189900	3986437	3704862	3815850	3841613	3654224	3330427	3904315	3691224	3285360	3113841	3489673	3429660	2191603	2438612	2514941
AT4G13280.1	GRAM domain family protein	9.39E-06	44.09	271	5	4	24h	0h	25309	30083	19356	10797	7933	13550	12598	18452	17886	10469	17664	27676	41409	24011	50463	21750	70462	851757	188095	191309
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	9.50E-06	13.38	217	2	2	24h	0h	28986	55778	37628	50075	53113	42417	40848	52037	46863	54486	67343	47334	119740	83727	181037	226922	53190	680104	435193	522494
AT5G08300.1;AT5G23250.1;ATS623250.2	Succinyl-CoA ligase, alpha subunit	1.02E-05	2.03	767	10	10	24h	2h	871841	861442	791986	752583	849589	739298	884269	787122	834188	859647	887906	809574	899290	945135	929915	1065099	775930	3349770	1913171	1877585
AT3G01500.1	Ribosomal protein L10 family protein	1.03E-05	2.02	766	12	12	24h	2h	1634753	1610520	1610156	1695688	1655588	1621563	1613668	1621363	1613638	1655009	1681025	1535550	1439080	1057465	1415294	1381673	1659038	1939875	1659018	2063663	1820412	1876386
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	1.13E-05	3.72	586	11	6	24h	0h	205953	187110	241007	207412	191199	207260	158168	165917	199941	210635	215965	194415	322467	228029	475790	410089	247694	755758	520975	674211
AT4G34080.1	Pectin lyase-like superfamily protein	1.23E-05	70.60	25	1	1	24h	4h	3183	2919	1638	1176	1695	518	543	626	502	2070	380	328	2473	1724	3287	1640	1006	60109	31492	26394
AT3G49120.1;AT3G49120.2;AT4G08780.1	ATPERX34, PRX34, PRX3B, ATPCB, PRX34 - peroxidase CB	1.28E-05	7.06	974	13	13	24h	4h	973765	1315781	972879	674132	1091235	1046853	738843	710827	787964	626430	825222	1170199	813938	1305084	1031163	1176966	804385	7167669	3265239	5364876
AT1G17290.1;AT1G72330.1;ATS06290.1	AlaAT1 - alanine aminotransferase	1.29E-05	1.93	1078	21	20	24h	0h	1725205	1652172	1882997	1864866	2048075	1827690	1843621	1946271	1901326	1908942	1794822	1884371	1976457	2050636	2632220	2718353	1857864	3274871	3416236	3570784
AT1G25220.1;AT1G24807.1	ASB1, TRP4, WEI7 - anthranilate synthase beta subunit 1	1.33E-05	17.70	373	6	6	24h	0h	56142	64168	60085	61708	81784	102476	109132	112530	120633	146946	126857	226000	226033	430096	506415	97140	1743421	976667	1350113	
AT3G14990.1;AT3G14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.50E-05	3.22	805	10	10	24h	4h	661192	598227	535751	588946	422137	498357	409577	397034	492748	424977	386294	480763	533087	428390	536583	361980	453473	1702236	1011835	1451327
AT5G01160.1;AT5G62820.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.50E-05	4.22	438	9	8	24h	4h	128225	141447	156464	160941	163073	124508	114134	145658	148893	152409	174944	157626	163736	168942	183472	186274	228405	801293	529655	596855
AT4G24100.1	UGT78B1 - UDP-glucosyl transferase 78B1	1.51E-05	3.85	123	3	3	24h	4h	79919	62997	72879	67853	54584	69784	54175	43095	62566	76846	65430	49501	100456	66910	125890	85996	103579	242117	169765	202902
AT1G65970.1;AT1G60740.1	TPX2 - thioredoxin-dependent peroxidase 2	1.56E-05	14.19	608	11	9	24h	4h	439587	441429	362599	503863	442165	374910	413314	505087	434982	708448	740979	602615	1421083	985240	2617560	1816721	431228	6080229	5803632	5764023
AT

AT2G36160.1;AT3G11510.1;ATSQS2B0.1	Ribosomal protein S11 family protein	4.26E-01	1.56	323	6	6	24h	2h	558892	497590	712007	507202	365765	457235	549896	547735	556308	498034	636506	375576	438831	573813	521362	498928	958176	965569	572332	537680
AT3G62410.1	CP12-2, CP12 - CP12 domain-containing protein 2	4.29E-01	1.27	583	5	5	10h	6h	9291258	10318400	10426282	8023701	10091750	10807358	7811035	10987828	10380082	8088246	8245960	9053326	9080176	9114856	9950395	10623767	11586793	10938109	8472141	6882680
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	4.29E-01	1.69	387	8	4	10h	2h	251322	165076	314855	212514	115806	141586	190030	245980	179343	222582	249454	78082	161676	201941	252734	216544	323928	243580	252281	186991
AT5G41580.1	RING/U-box superfamily protein	4.29E-01	4.35	28	1	1	4h	24h	1073	6171	5277	3105	20669	1580	10841	17731	11902	2350	9650	12041	4019	14537	1348	20820	1924	53	7333	1908
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	4.29E-01	1.17	353	6	6	0h	8h	2264622	2565306	2435926	1956148	2101215	2304003	2148246	2295374	2127727	2370575	1992893	2068119	2144433	2010316	2438150	2020997	2348116	2146062	2383658	1843033
AT3G55610.1;AT3G55610.2	PS/S2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	4.31E-01	4.68	259	6	2	24h	0h	5701	5325	7109	10540	3214	12615	14481	5344	5943	7655	15175	9425	16328	12285	12890	11736	17304	66129	14236	5361
AT5G57480.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.31E-01	1.57	25	1	1	4h	24h	8342	23519	30772	23811	42503	27684	35367	32160	30047	22280	25831	41149	19896	24572	18178	34501	13855	18293	18246	25543
AT1G14410.1	ATWHY1, PTAC1, WHY1 - ssDNA-binding transcriptional regulator	4.31E-01	3.60	67	1	1	6h	24h	2155	5554	8221	12062	9196	1306	12675	9709	6252	11383	12027	6988	6038	9865	9257	3232	0	0	7541	895
AT1G62780.1	unknown protein	4.32E-01	1.17	309	7	7	2h	8h	410651	322923	309769	3918448	3696670	372976	344937	317345	324712	355899	333983	298412	339077	306827	367711	319344	383390	310585	365085	345155
AT2G37500.1	arginine biosynthesis protein ArgJ family	4.32E-01	1.83	106	2	2	2h	4h	153618	77199	95020	111353	75434	77637	70141	44383	63091	94318	64649	56735	133333	48930	93157	70702	118131	148959	67168	99477
AT4G12290.1	Copper amine oxidase family protein	4.32E-01	1.81	9	1	1	6h	24h	7649	10985	8713	9948	14980	13192	11758	10324	11767	14013	16060	14978	10567	17292	9109	10163	12781	1105	12035	11797
AT4G13370.1	Plant protein of unknown function (DUF936)	4.32E-01	2.11	24	1	1	10h	24h	22062	46632	50071	58053	53643	42160	26351	47502	44866	22871	45607	36140	39444	54330	39804	68390	36670	809	35102	32743
AT5G35100.1;ATSQS3100.2	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	4.34E-01	1.60	222	5	5	6h	24h	245375	354558	275833	238245	334171	310516	291309	332701	263460	238851	259092	278654	273788	319464	268910	297645	271030	40409	272618	262867
AT5G42890.1	ATSCP2, SCP2 - sterol carrier protein 2	4.34E-01	1.77	92	3	2	8h	6h	28009	41543	38992	13815	22065	43382	29486	33525	27748	10870	14433	36076	42803	29665	24204	24007	19660	44019	15268	26529
AT5G40160.1	EMB139, EMB506 - Ankyrin repeat family protein	4.35E-01	5.81	35	1	1	0h	4h	14532	8511	12105	17297	44313	23801	11165	19825	13828	12074	4434	25260	20356	13553	11279	31308	18761	13182	19542	171644
AT5G56510.1	Mog(Rubl)Duf1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	4.35E-01	1.85	88	2	2	2h	6h	139649	161418	124331	142005	54434	107641	71859	144568	125373	118070	120579	86212	177863	98006	189889	59622	160301	151085	210113	200683
AT3G18940.1	clast3-related	4.36E-01	1.68	65	1	1	0h	6h	6119	1181	2538	4092	8822	6901	6421	5901	1866	1573	4539	3978	5414	5707	7147	11250	3083	2644	13378	11613
AT4G21540.2;AT4G21540.1	SPHK1 - sphingosine kinase 1	4.36E-01	2.00	35	1	1	4h	8h	64583	22002	24898	31052	18079	25299	16715	26444	25661	37561	26486	16795	35333	16596	37046	19363	47564	60982	40636	36210
AT4G09020.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.36E-01	1.36	134	2	2	8h	4h	118447	76582	106222	129562	95285	96857	89875	63299	92363	100376	97501	86849	128222	93800	88377	85158	78831	116076	70770	85135
AT5G18380.1;AT3GD42310.1;ATSTG18380.3	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	4.36E-01	2.34	171	4	1	24h	2h	76119	39569	74720	65151	9886	23166	33571	39739	30642	54402	49756	23440	64978	18132	53327	16095	98572	96198	62492	70882
AT3G18130.1	RACK1C, AT - receptor for activated C kinase 1C	4.39E-01	2.38	179	5	5	2h	8h	21728	13484	38241	26078	8249	11694	26546	20702	21850	33906	25786	10677	21303	13112	22240	17314	37556	56361	32111	20948
AT5G27910.1	NF-YC8 - nuclear factor Y, subunit C8	4.39E-01	1.65	21	1	1	2h	8h	21942	32057	12550	15855	24533	20158	25687	21443	28522	30056	15945	29927	18540	25220	28229	19281	23700	39685	27057	31390
AT3G02530.1;ATSG16070.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.40E-01	1.40	205	4	4	10h	2h	113254	82837	69264	84728	72495	91994	86160	111256	97079	84771	95011	78886	87446	88673	139130	98580	110674	76529	126698	69537
AT3G64660.1	ATCMPG2, CMPG2 - CYS, MET, PRO, and GLY protein 2	4.40E-01	2.43	26	1	1	8h	4h	22867	39327	35225	39444	17470	26464	22224	21225	32324	47388	35075	21133	47469	22514	32087	11843	36806	0	20041	23224
AT2G30410.1	tt5, TTCA - tubulin folding cofactor A (BSE5/1)	4.41E-01	1.73	68	1	1	0h	4h	150067	94950	76903	103950	57605	82132	72172	62615	51358	98387	83994	55136	90299	40372	132801	44628	107486	124999	103754	91942
AT2G24270.1	ALDH11A3 - aldehyde dehydrogenase 11A3	4.42E-01	1.11	1333	22	20	10h	6h	6827884	6676576	6791670	7668740	7470082	6373086	6383407	7495735	6750107	6566708	6481221	6697076	7380763	6885217	7218275	7398681	7316418	7985242	6860005	6781204
AT3G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	4.43E-01	1.70	109	3	3	4h	6h	21963	29407	45412	43948	19620	40685	45865	41120	38450	40110	39998	34412	38371	43282	29028	26379	64655	34683	22129	17034
AT5G05625.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.45E-01	1.56	74	2	2	0h	6h	24965	27855	18622	20602	14771	20965	15672	12179	18936	12664	16770	28228	15555	21233	13528	16014	18755	13036	21630	11279
AT5G03180.1	RING/U-box superfamily protein	4.45E-01	4.45	31	1	1	8h	2h	5308	8691	4504	7375	1075	1420	12295	6286	16924	13854	5252	21623	10660	18609	0	2672	18144	7627	5262	4188
AT2G39730.1;AT2G39730.3	RCA - rubisco activase	4.46E-01	1.88	3206	45	2	0h	8h	1202362	2347393	2432291	1712512	2521187	2474853	1701732	4577647	2168408	1551266	2295337	1852311	1795722	2118490	3951182	4262681	2125669	1039296	3444789	1020318
AT2G47610.1;ATSG62870.1	Ribosomal proteins L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	4.46E-01	1.67	123	4	4	0h	8h	91503	73182	131496	90044	54031	56094	79765	106811	78270	81309	81130	61525	56626	61574	74697	56472	149740	42505	72825	81144
AT5G38060.1	unknown protein	4.47E-01	1.89	28	1	1	6h	10h	22674	20302	13805	28912	18430	54975	26952	15554	14437	139628	20786	16200	30256	18706	13930	21023	10465	13875	16136	21266
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	4.47E-01	1.29	210	4	4	2h	8h	311144	335239	387702	373123	428886	472138	372311	414425	423952	308163	360633	365148	363772	292542	332634	345965	349911	522180	278313	323433
AT5G02820.1	RH12, BH5 - Spo11/DNA topoisomerase VI, subunit A protein	4.49E-01	1.92	28	1	1	0h	4h	45796	42511	40960	33823	26341	35840	25879	32165	42278	24149	29218	50665	34285	39965	30000	27171	35038	1755	28176	36493
AT4G38225.5;ATMG38225.1;ATMG38225.2	unknown protein	4.49E-01	1.62	156	3	2	2h	4h	39453	34920	41399	68250	41925	38140	29576	29735	36042	51022	32287	54575	56923	32547	32390	35976	61982	46680	19867	32214
AT2G17790.1	VPS35A, ZIP3 - VPS35 homolog A	4.49E-01	4.62	31	1	1	2h	8h	1044	2059	787	1591	1630	0	815	537	780	942	370	1523	3350	3215	2881	718	2987	4259	2881	1662
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	4.50E-01	1.26	553	9	9	0h	6h	1499337	1232684	980488	1255819	1106481	1199364	1022113	1010455	1082163	1050399	1038091	860477	1030765	945176	1266285	961074	1016581	1416913	1070959	922271
AT4G16143.1;AT3G06720.1	RAPA-2 - importin alpha isoform 2	4.51E-01	2.96	126	2	2	0h	8h	4288	12452	2071	2218	1495	13822	2952	9143	7468	11073	4864	13723	17327	19743	12477	15977	9731	4867	29380	10039
AT5G17560.1	BolA-like family protein	4.51E-01	1.26	235	4	4	0h	8h	152612	141739	168775	128228	135675	147319	132149	138302	140580	150336	121612	116815	129210	116344	167366	110799	124380	135254	135902	96260
AT2G47250.1;ATSG62310.1	RNA helicase family protein	4.51E-01	25.13	60	1	1	24h	8h	3912	1602	2194	5271	0	1132	0	3707	1050	4295	393	1959	0	627	2491	127	5384	15949	2399	5287
AT1G04310.1	FTSH8 - FTSH protease 8	4.53E-01	1.63	22	1	1	24h	8h	42968	20367	22508	44744	39103	34035	23414	27660	29936	40983	31247	40127	31598	25050	24316	41074	28421	65249	22762	41891
AT3G25530.1;AT3G25530.2	GHBDH, ATGHBDH, GLYR1, GR1 - glyoxylate reductase 1	4.53E-01	1.21	1056	15	15	24h	8h	2451507	2278592	2289207	2565527	1985787	1954052	2108719	1956092	2090587	2403512	2102832	1994864	2277442	1856047	2334325	1846379	2041132	2990568	2292542	2161272
AT4G20360.1	ATRABD3, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	4.54E-01	1.35	2470	34	33	10h	6h	23421527	19917783	22925007	23375228	16353440	21926328	17473964	21608891	18360190	19971682	21174133	14601428	27927403	20212073	24921436	21305910	29144797	28401682	18233914	17007033
AT1G02380.1	Ribonuclease H protein	4.54E-01	1.21	173	4	4	0h	4h	140255	129637	112998	120540	128052	98919	92150	113086	111509	122602	111108	97701	130239	111624	115489	125183	127897	102658	134492	137547
AT4G20260.1;AT4G20260.5;AT4G20260.6	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	4.54E-01	1.47	1003	14	13	0h	6h	8537251	6623342	5062354	4702485	4715722	5799267	4988410	4083047	5789741	5530296	5399840	5224255	4530688	4658498	5141523	3989339	7322039	7632643	5423398	5063157
AT2G00420.1	NDH1 - NADH dehydrogenase subunit J	4.54E-01	2.43	58	1	1	2h	6h	11796	9419	11422	13215	12569	4017	8379	9904	9147	12466	4905	9736	4539	6251	6741	2737	13807	0	6269	7185
AT5G58480.1	MBF1B, ATMBF1B - multiprotein bridging factor 1B	4.54E-01	1.84	83	2	2	0h	6h	136503	112302	168605	86932	119176	188565	96278	152101	125573	50047	64840	133657	123719	112539	54416	191307	52881	87208	23774	31304
AT5G19220.1;ATG21590.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	4.57E-01	1.13	1761	26	25	2h	8h	4385048	4525320	4886626	4796526	5202959	4190414	3987611	4104712	4487689	4350326	4328552	4481272	4510727	4099057	4400666	4489376	4831160	4806205	4093935	4617120
AT5G41530.1	unknown protein	4.57E-01	1.83	30	1	1	6h	8h	33166	35104	31569	36045	39055	27969	40068	35480	21479	54621	23136	38116	17299	24838	34686	30173	35200	13810	33268	33994
AT3G46530.1	RPP13 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	4.58E-01	52.64	21	1	1	10h	0h	11	44	256	151	2351	387	615	3895	868	172	789	2438	94	4054	296	15980	76	481	2422	131
AT1G76160.1;ATTIC21860.1	sks5 - SKU5 similar 5	4.59E-01	1.29	243	5	5	0h	4h	495141	440652	2380	455192	377926	453199	380143	330213	308685	421413	411981	351710	317436	385349	304893	415924	315078	291869	408612	385730	377797
AT2G35370.1	GDCH - glycine decarboxylase complex H	4.62E-01	1.18	626	10	2	2h	24h	755671	791436	825356	812816	941734	744486	713778	829142	935853	850154	698777	705664	737388	794677	672064	795764	771623	751430	654152	724417
AT5G13630.2	GUN5. CCH. CHLH. CCH1. ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH. chlorosalat. outative / Mg-protoporphyrin	4.66E-01	2.84	296	7	7	6h	24h	40516	239356	303317	178727	69207	361020	312680	584457	410798	186005	321554	364962	128612	396752	193297	549575	104654	3829	248300	208858
AT5G20360.1	ATBAG1, BAG1 - BCL-2-associated athanogene 1	4.66E-01	Infinity	25	1	1	24h	24h	0	0	1833	0	0	1323	0	0	0	0	398	6234	0	0	0	1526	28380	0	0	0
AT1G07700.1	FAD-binding Berberine family protein	4.62E-01	5.16	44	1	1	24h	0h	119	311	316	671	853	1659	983	145	205	386	177	892	471	157	387	816	348	41258	586	229
AT3G62030.2;AT3G62030.3	ROC4 - rotamase CYP 4	4.62E-01	1.14	1328	17	17	2h	0h	40474586	44436277	43786612	41491402	50078780	38147130	37725600	39521455	44817940	41965068	37677929	40699432	38975754	38382035	37203644	41405840	34736260	41139365	37281685	41221309
AT1G75300.1	CITC - citrate synthase/methyltransferase	4.63E-01	1.19	318	5	5	0h	8h	1530180	265874	135325	295953	296625	288748	268709	298684	321420	312562	290785	285599	289245	244025	261804	283710	283456	320316	272117	288669
AT4G00490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	4.64E-01	1.38	373	7	7	2h	24h	464993	496681	471524	390783	620702	452685	368227	538620	432724	397168	439707	428078	357794	479842	453719	457542	349598	237883	442799	382562
AT4G34890.1	calcium-dependent lipid-binding family protein	4.64E-01	3.36	91	4	2	0h	4h	35330	86997	91378	12300	75804	20448	26442	51181	82765	5721	20721	63319	22360	61158	50386	66632	16945	7666	24780	31220
AT4G11330.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	4.64E-01	1.66	71	2	2	0h	4h	152748	100641	95433	92780	88895	86596	69698	80146	99897	64574	71243	111558	73763	76178	54262	89556	82789	7487	67335	87171
AT1G03360.1	VIIIA, ATVIIIA - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.64E-01	0.35	67	2	1	6h	24h	935	6732	4709	4743	0	2287	2854	0	5512	3686	6372	4794	4520	0	0	0	5291	0	1388	0
AT3G16910.1	AAE7, ACN1 - acyl-activating enzyme 7	4.65E-01	1.28	360	9	9	24h	0h	644599	518638	616004	702408	634779	589203	518426	440119	598768	564705	491052	663564	628837	480724	560410	501733	582179	806962	511980	676173
AT1G07440.1;AT1G07440.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.66E-01	1.59	154	4	4	0h	24h	88312	126994	128413	126452	168336	118504	113476	100771	130518	141229	149145	116892	140430	166662	131242	227079	121796	38395	141065	122561
AT4G24220.1	VEP1, AWI31 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.66E-01	1.31	397	9	9	4h	0h	245482	276046	235394	373103	351269	260080	304704	366670	320782	290522	305198	325664	338265	322507	358964	312904	209006	248328	319308	394498
AT5G04740.1;AT5G04740.2	ACT domain-containing protein	4.66E-01	1.53	157	3	3	2h	8h	40571	42785	35513	39010	30901	30612	41278	32319	50703	42335	35677	29459	35896	21310	40947	36623	35832	54763	49220	27566
AT1G10810.1	ATAKIC4, RACK1A, AT - RACK1A - transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	4.66E-01	1.36	627	11	8	24h	2h	1163023	1366870	1407244	1232264	1888308	1661381	1680705	1088485	1255664	1189967	1094775	762336	1003511	906188	1209768	809956	1532235	1397111	1193798	1271879
AT5G18550.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	4.67E-01	1.99	20	1	1	8h	24h	14158	10087	16810	22028	12179	12788	12761	15926	12129	19752	15307	14047	18010	17769	21756	16192	15662	0	15500	11512
AT5G19180.1	ECR1 - E1 C-terminal related 1	4.67E-01	1.66	25	1	1	2h	8h	3175	4027	4076	4129	2583	4442	4392	4304	5689	5383	3275	3018	7429	4946	5614	6689	5947	1528	3430	8512
AT1G32160.1	ATCSLA15, CSLA15 - mannan synthase 10	4.68E-01	4.75	63	1	1	10h	24h	3157	1635	6628	2819	1719	12146	5398	7249	7876	8326	7852	9168	9219	0	15603	0	10816	0	64	5501
AT3G08940.1;AT3GD8940.2;ATSGD1530.1	LHCB4.2 - light-harvesting complex photosystem II	4.68E-01	7.39	144	2	2	24h	10h	27402	24727	20278	10057	10905	19327	16947	28738	26013	17486	16618	13506	13491	22360	11907	14429	20215	30506	21523	14908
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	4.69E-01	5.20	118	2	2	24h	10h	17969	17650	14389	33737	7611	43574	28466	18211	20105	16615	15783	32101	23531	7645	12002	4066	14585	125392	13709	20358
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	4.69E-01	2.19	69	2	1	0h	6h	8106	6176	12577	14097	12444	19470	11916	10235	10374	10700	6064	13624	9003	13660	8445	11606	13282	37843	9704	11289
AT5G21990.1	MSH10, MSH10-1B - seed protein 60	4.69E-01	1.19	741	14	8	2h	6h	508759	600064	586534	598956	689635	599119	526587	575035	549082	463595	519504	607935	520124	586154	606970	744868	507024	590097	576398	600130
AT1G71730.1	unknown protein; has 52 Blast hits to 52 proteins in 24 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 4; Fungi - 0;	4.71E-01	1.66	73	1	1	2h	6h	24081	22880	20392	24480	19512	19319	24987	25766	21708	23282	25168	18479	27146	18623	28116	14968	20732	56936	26088	22328
AT3G56460.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	4.71E-01	1.30	324	8	6	24h	10h	2613352	2944660	3589975	2999941	2744497	3172313	2469850	3004413	3062023	2729969	2584233	3080979	2793136	2772293	2594440	2587894	2809303	4482323	2702720	3219174
AT4G16151.1	Transcription factor IIS family protein	4.72E-01	1.90	25	1	1	2h	24h	78206	65918	68705	41251	80088	56238	40074	72089	43969	39484	68787	41632	42940	38147	73671	48423	68607	733	72960	38172
AT3G07040.1	RPM1, RPS3 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	4.73E-01	2.14	24	1	1	6h	24h	5663	8448	8345	8754	8479	6393	6851	6554	11381	11255	11244	8735	9552	9533	5194	7721	7280	0	7564	7050
AT4G38160.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	4.73E-01	1.10	2115	16	2	2h	8h	2588102	2486687	3081400	2487410	3137994	2497551	2179764	2663539	2012586	2315431	2367558	2362923	2818557	2905332	2657070	2858789	2331123	1852579
AT1G08110.1;AT1G08110.4	lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	4.73E-01	1.38	163	4	3	2h	8h	661240	550063	415867	511649	356624	391387	465861	421532	448895	451709	569153	375479	550982	353222	547283	374421	505029	643600	507865	593022
AT4G47250.1	PAF2 - 20S proteasome alpha subunit F2	4.73E-01	1.64	263	6	3	2h	8h	42689	41486	48893	56888	65129	36871	36453	40213	42891	58941	56017	36622	56936	48295	57717	62658	23474	56092	66142	73381
AT5G28060.1;ATG49420.1	Ribosomal protein S24e family protein	4.75E-01	1.45	162	2	1	8h	24h	80349	78897	128303	90334	62553	83513	72856	98443	83975	84905	59452	73104	71809	77818	70985	122713	116357	89538	109474	104704
AT1G45010.1	ARLPL, ATL - ARF-like protein 6	4.74E-01	1.91	22	1	1	2h	24h	680364	1002608	1026548	743106	1800479	1551480	1283128	1577715	1347696	830034	835689	1302911	700292	1269335	763855	1124719	1124291	855575	782967	541919
AT3G05020.1	ACP1, ACP - acyl carrier protein 1	4.74E-01	2.77	57	1	1	6h	24h	34321	10465	9006	11294	2672	7101	6810	5866	6761	9469	11532	3849	13717	4285	11734	2899	16590	26868	11668	11534
AT2G27510.1	ATFD3, FD3 - ferredoxin 3	4.75E-01	2.56	47	1	1	24h	6h	30304	16679	6153	18714	12200	7685	12974	7548	11759	10699	9762	4312	14474	3232	30068	6107	18960	31725	16425	15176
AT1G61370.1	S-locus lectin protein kinase family protein	4.76E-01	4.91	22	1	1	2h	6h	183545	286632	5979	109072	5210	38928	199227	38697	19221	296742	258162	197726	255101	119480	0	22316	175904	53588	106349	8045
AT5G64610.1	KEA2, KAC2 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 2	4.76E-01	1.47	26	1	1	0h	4h	246141	310967	177635	179013	156312	211148	135559	164835	217571	221407	185611	219593	195220	131206	180029	285007	179705	152425	100724
AT2G26080.1	AtGLDP2, GLDP2 - glycine decarboxylase P-protein 2	4.76E-01	1.17	3220	46	18	2h	0h	3854234	3595852	4594564	4638187	5146900	4129103	3915357	4670138	4778427	4317130	3989561	4466672	4170951	4426183	4235047	5338114	4439656	5138128	4066529	4785572
AT1G13450.1;ATG13450.3	GT-1 - Homeodomain-like superfamily protein	4.76E-01	5.17	44	2	1	6h	24h	2457	5158	1806	3620	637	1556	2789	1335	1976	3145	2269	3449	2907	1795	3358	2193	6492	23620	1473	4938
AT5G64250.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.78E-01	2.23	29	1	1	4h	24h	6273	4135	8098	8551	8043	5025	4405	7890	2128	3953	6557	9511	12795	6672	9813	434	5712	8542	10625	12351
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	4.79E-01	1.39	1843	33	14	24h	8h	2374656	1711483	2253502	3141754	2100516	2337541	2268985	2106516	2199499	2565419	2393388	1680929	2576451	1535658	2615092	2500741	2249794	3615299	2638661	2289795
AT3G63540.1	Mog(Rubl)Duf1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	4.79E-01	1.24	703

AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	6.57E-01	1.21	60	1	1	24h	8h	38786	34667	27345	40613	33372	35556	30464	29433	38581	35145	28465	34351	28865	35117	30876	33560	32259	34963	33051	47701		
AT3G53870.1;AT2G31610.1;ATSG35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	6.58E-01	1.30	379	8	8	24h	8h	380879	306704	515927	463471	337788	473060	377879	455616	432829	397966	409728	264099	335562	335254	349524	384194	514717	460642	470495	372567		
AT5G16991.2	Zinc-binding dehydrogenase family protein	6.58E-01	1.30	400	8	1	24h	8h	4129	5805	6856	5788	4329	4456	5638	5689	4777	5502	4639	4573	5484	6977	5323	3200	5849	0	6028	10197		
AT2G23350.1;AT1G22760.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	6.58E-01	2.11	235	5	2	24h	10h	75788	90897	95052	107112	61664	127583	82567	75785	124552	64156	60812	111550	89183	121517	74975	52938	73871	371584	0	54774		
AT2G43460.1	Ribosomal L18e protein family	6.59E-01	4.33	25	1	1	4h	24h	19	6838	14901	3738	31238	13380	12822	30130	24677	2198	8624	11857	1109	25952	1273	39051	1110	3688	4089	7857		
AT4G37300.1	NS1, OVA8, ATNS1 - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	6.59E-01	1.34	281	6	5	8h	6h	173164	182705	233449	190923	308622	182952	171583	210692	209557	182688	164386	172505	224320	238968	189076	272713	154727	185198	208455	243749		
AT1G72610.1	GLP1, ATGER1, GER1 - germin-like protein 1	6.59E-01	1.75	79	1	1	24h	2h	266690	491143	219513	274407	205650	264975	471175	227641	328664	274982	325536	385870	222004	541733	316454	319539	304443	335471	347584	620807		
AT4G08760.1	unknown protein	6.59E-01	1.24	35	1	1	24h	2h	158048	117447	123140	198299	133028	138200	132716	164594	153609	181819	139191	139387	176519	97817	111656	124426	145144	122363	118386	139272		
AT1G49660.1;AT1G49640.1	ACD25, CYES - carboxyesterase 5	6.60E-01	1.61	146	4	3	24h	4h	165738	124032	135846	160931	93227	108236	121771	111375	103626	158048	160898	93523	175389	92850	181598	131547	121514	245202	188816	110551		
AT2G19520.1	FVE, ACG1, MSI4, NFC4, NFC04, ATMSI4 - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	6.60E-01	1.39	108	2	2	8h	2h	42062	38188	47625	31962	41358	23974	41540	42962	49420	35525	49453	43795	49131	40803	32018	36819	43901	67791	25100	36246		
AT3G16840.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.60E-01	1.91	57	2	1	24h	2h	312644	147179	190961	143228	97412	117906	148885	117441	110749	128448	180961	125152	185091	130769	129718	130262	264664	391553	168201	125712		
AT5G41810.1	Inositol monophosphatase family protein	6.60E-01	1.73	134	3	3	24h	4h	8737	20429	17035	16766	23082	14155	17293	18338	18890	18710	17561	13233	18306	19498	17135	19345	20155	46002	17726	16289		
AT3G56500.1	serine-rich protein-related	6.60E-01	6.73	44	2	1	4h	24h	574	1427	4294	6816	2360	7299	344	9096	9705	6802	56	8269	10197	574	13295	2091	7046	4496	141	2565	1096		
AT2G45990.1;AT2G45990.4	unknown protein	6.62E-01	1.21	133	4	4	24h	4h	175708	159022	134368	159288	135486	122969	134922	109532	150645	155956	112198	138880	168193	149286	132516	143700	170215	204369	145624	129091		
AT4G20960.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	6.62E-01	1.23	132	2	2	8h	10h	50652	47139	40077	42898	30564	40640	38204	53503	45890	46562	45867	39833	42614	38888	36961	24076	50989	32915	49293	35263		
AT3G16390.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	6.62E-01	1.28	529	9	3	2h	24h	130201	132033	132083	182578	183189	178032	140083	190253	167536	159168	167475	153824	178089	145673	133953	224877	114371	105305	155380	141109		
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	6.63E-01	1.31	51	2	2	10h	4h	187303	114315	112940	148242	90581	99979	98660	111534	109149	157525	127872	109029	127558	96180	142783	123645	152826	184964	114157	100945		
AT2G17200.1	DSK2 - ubiquitin family protein	6.65E-01	3.12	106	2	2	4h	4h	15398	6643	4657	5171	1167	5897	3996	2668	1881	4870	3434	1349	8880	2540	8922	1914	7662	0	9988	4266		
AT4G32940.1	GAMMA-VPE - GAMMA-VPE - gamma vacuolar processing enzyme	6.65E-01	1.96	83	1	1	4h	2h	22723	20556	8701	22310	20978	11740	9808	11420	9588	9331	23634	12804	10750	12509	14356	4381	24825	10656	13589	20236		
AT5G24420.1	PGLS - 6-phosphogluconolactonase 5	6.66E-01	3.00	27	1	1	6h	10h	3442	29711	11211	1718	13538	13691	28606	12968	14736	21596	28586	19687	9761	23062	17842	4944	492	0	28391	15454		
AT1G22840.1;AT1G22840.2	CYTC-1, ATCYTC-A - CYTOCHROME C-1	6.66E-01	1.39	202	4	1	6h	10h	142955	148371	86779	90536	95136	93190	130326	121434	96331	102303	179524	104868	91194	108664	104109	81068	133488	135346	78418	89417		
AT5G56340.1;AT2G40510.1	Ribosomal protein S26e family protein	6.67E-01	1.30	159	3	3	2h	2h	518110	420841	561496	489821	292775	371120	391037	438919	440097	439536	454408	312902	470796	373944	464983	277610	617911	503759	465551	521546		
AT4G38740.1	RDC1 - rotamase CYP 1	6.67E-01	1.25	126	12	6	4h	24h	2649153	2445241	3217865	2717331	3485613	2352030	2946038	2976590	3067703	2552723	2951756	2978905	2468532	3430249	2284656	3070223	3089229	2423942	2466993	2311156		
AT1G13940.1	Plant protein of unknown function (DUF863)	6.68E-01	2.41	20	1	1	0h	4h	2394	9742	19448	7036	8547	6088	11997	3666	5352	8515	5855	3554	5302	5727	6362	6155	4054	640	2806	9656		
AT1G51580.1	GLX2-3, ETHE1, GLY3 - glyoxalase II 3	6.69E-01	1.44	107	3	3	0h	6h	536120	388976	317556	196366	414923	365144	256327	338773	320076	222299	314759	327913	261705	370343	261339	330559	322853	297492	306015	412253		
AT5G41970.1;AT3G49320.1	Metal-dependent protein hydrolase	6.72E-01	1.24	156	5	5	0h	4h	64594	67955	61908	62111	45886	68069	57871	50879	48068	79579	56074	48289	57034	55999	52348	47147	59269	56470	50613	71359		
AT3G47570.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	6.72E-01	14.10	30	1	1	10h	0h	2220	2042	553	5307	46237	3375	757	9598	1294	0	880	7345	3337	29172	0	67403	513	33152	1141	604		
AT1G66200.1;AT1G66200.2;ATTG66200.3	ATGSK2, GLA3, GLA3.2 - glycogen synthase clone F11	6.72E-01	1.16	2360	12	10	2h	8h	5245682	4844863	5477801	6161629	6505895	5287848	5351907	4961384	5940172	5413627	4843349	5709796	4949508	5412549	5352188	6922146	4529828	6522640	4773285	5761292		
AT5G41210.1;AT5G41240.1	ATGSTF1, GST10, GSTF1 - glutathione S-transferase THETA 1	6.73E-01	1.51	71	2	2	24h	4h	19352	27319	24003	29696	20764	27356	20249	23479	21470	38417	20792	21454	26551	26602	26360	16455	29961	44737	22274	31291		
AT4G37300.1	MEE59 - maternal effect embryo arrest 59	6.74E-01	1.24	316	7	7	4h	8h	969535	933734	855402	745462	896573	973337	854844	882620	887410	982854	886160	761965	789602	796194	1017807	781927	769766	1139811	1037524	783528		
AT4G01960.1	VMA10, VHA-A2 - vacuolar membrane ATPase 10	6.75E-01	1.44	334	5	5	0h	2h	332109	406922	298314	233121	304950	300766	347635	309378	343530	391108	248353	336013	244747	346655	317099	204158	386661	376123	197281	244662		
AT4G34870.1	RDC5, ATCYP1 - rotamase cyclophilin 5	6.75E-01	1.13	631	12	10	2h	8h	4574816	4652401	4101429	4650413	4508172	3851996	4569938	4811873	4014408	4337548	4704522	4048329	4312819	4357987	4514875	5081668	4045787	5398499	4777451	4514215		
AT5G14610.2	DEAD box RNA helicase family protein	6.75E-01	2.08	20	1	1	0h	4h	29883	15620	16215	22821	2484	10020	12611	8479	8558	29869	19631	6629	19781	5944	16272	9	20869	13504	14324	15013		
AT1G22430.1	Gnd5-like zinc-binding dehydrogenase family protein	6.75E-01	3.65	34	1	1	8h	4h	3657	1833	5460	5574	0	1988	2245	2060	1142	10030	3538	746	11572	1692	8505	2414	8420	0	7881	2608		
AT5G16880.1	unknown protein	6.75E-01	1.54	55	1	1	24h	2h	7755	10792	4134	4346	7632	8009	10915	10276	8041	1609	10696	7999	7147	8784	7285	7369	10152	12479	7090	11189		
AT4G16830.1;AT4G16830.2	Hyaluronan / mRNA binding family	6.75E-01	4.99	163	3	2	8h	10h	5420	9275	3235	831	5484	11160	5744	5871	10069	49	849	10016	27629	5026	1390	7262	1167	35138	22	2470		
AT5G23820.1	NAD-dependent lipid recognition domain-containing protein	6.76E-01	1.27	80	2	2	6h	10h	105125	145510	154916	134111	110924	119518	132872	129047	139045	130812	134581	184370	112201	133661	111961	87684	154282	161517	117612	106901		
AT5G21360.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.76E-01	1.73	30	1	1	4h	2h	2781	2896	4876	3118	4160	1362	4815	5594	4521	1124	4467	5860	3023	3485	3961	4093	4431	3718	3570	2722		
AT5G47840.1	AMK2 - adenosine monophosphate kinase	6.77E-01	1.15	311	8	7	10h	0h	370939	449367	355356	375828	416901	399687	381851	400735	468782	420812	443757	406216	404754	435280	396277	428189	460821	422482	410620	285727		
AT1G18550.1	ATP binding microtubule motor family protein	6.78E-01	3.67	29	1	1	8h	2h	40846	51357	8779	9091	18250	16296	56622	15292	8903	34137	55201	33171	45401	61496	10819	29102	30242	32078	54644	906		
AT5G16410.1;AT3G16400.1	NSP4 - nitrile specifier protein 4	6.78E-01	2.13	191	4	2	0h	4h	62876	62979	42041	42076	47199	29226	36112	19732	22976	38490	44471	34229	37710	26369	44995	15685	69066	10967	33231	19392		
AT3G18060.1;AT2G01330.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	6.79E-01	1.10	647	11	11	2h	8h	773981	731968	757881	854866	790921	721981	804869	701546	829400	860267	799291	749700	748214	763162	834689	769529	742902	901591	780774	809647		
AT2G45240.1	MAP1A - methionine aminopeptidase 1A	6.79E-01	1.44	20	1	1	4h	0h	7724	4927	6014	5664	7323	10630	11170	5445	7288	6652	5930	9820	5995	5813	5742	5443	5377	10212	3520	4224		
AT1G16350.1;AT1G79470.1	Aldolase-type TIM barrel	6.80E-01	1.14	365	7	7	2h	24h	361352	370367	349694	386678	338119	334093	341478	338933	349560	348788	301268	297593	349985	268490	322227	368612	353903	304183	267469			
AT3G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYRE-F) (UMPS)	6.80E-01	1.28	218	4	3	10h	0h	80485	67163	65917	73313	73897	85624	79387	67030	77119	103913	82441	73576	73504	95751	91685	63644	117522	84926	102356	72180		
AT4G38220.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	6.82E-01	1.19	273	8	6	0h	4h	265845	258170	251640	248738	164707	248233	213566	221554	217741	279643	225696	213315	264377	193411	223541	194446	292130	282195	247366	243692		
AT2G37130.1	ubiquitin family protein	6.82E-01	1.29	60	2	1	24h	10h	15663	17629	18727	17519	18115	15953	11590	20627	16550	17251	12806	15547	16323	19705	11717	20271	12160	0	26393	30410		
AT1G77060.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	6.82E-01	5.17	165	3	1	8h	2h	8453	7359	2468	1191	2063	954	7277	1325	2021	0	9390	4058	9073	5434	2642	1725	7463	10871	1873	1526		
AT1G47200.1	WPP2 - WPP domain protein 2	6.82E-01	3.38	92	1	1	2h	0h	1798	9374	23151	16161	65663	38640	17086	36170	40476	11930	23738	37556	1165	54960	4720	66796	12741	4775	19209	22311		
AT2G35820.1	ureidoglycolate hydrolases	6.82E-01	6.45	60	2	2	8h	8h	15190	13169	10611	15885	18877	18401	19083	15213	13776	8969	12111	17210	9069	14900	13691	22574	8444	20619	17276	8582		
AT5G15160.1	ATBS-A, BS-A, CBS-E - cytochrome B5 isoform E	6.84E-01	2.81	27	1	1	4h	24h	67294	57165	28275	37454	17655	30174	21721	12267	18404	44321	27897	27779	36485	16228	30458	12343	27323	5511	66284	51248		
AT1G52510.1;AT1G52510.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.84E-01	1.15	416	6	6	24h	0h	622907	589110	516533	588695	535925	656535	511975	746580	655359	598866	563823	576120	614413	543041	673832	574498	666820	688395	737217	563599		
AT2G21170.1;AT2G21170.2	TIM, POTP1 - triosephosphate isomerase	6.84E-01	1.16	1494	19	17	2h	4h	11948457	10535694	9551851	10201540	8486295	8901535	10024524	8670392	10051023	9954483	9116354	9597142	9781335	8689806	9566322	8399442	10275667	11188535	8834729	7672481		
AT3G02870.1;AT3G02870.2	VTC4 - histidine phosphatase family protein	6.84E-01	1.22	296	5	5	2h	8h	182145	132238	156288	143621	375315	339530	301790	366084	248714	387135	339489	324756	266806	369505	318455	497126	302728	361791				
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.86E-01	1.54	21	1	1	2h	24h	42102	84702	96773	78174	147829	96091	81510	125173	98356	60203	61436	106289	67261	101857	50630	142163	76659	58462	48089	102227		
AT1G27400.1;AT1G67430.2	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	6.86E-01	1.33	75	1	1	24h	2h	60000	67379	118819	84097	76453	70160	76555	132828	94980	78632	98462	67706	65077	88891	54667	115806	91046	106402	98587	102325		
AT1G07110.1;ATEIX0302.1	F2KP, ATF2KP, F6PXP - fructose-2,6-bisphosphatase	6.86E-01	3.23	127	3	3	24h	4h	40377	39722	26136	21242	16887	39298	29496	21798	25476	41003	27326	30267	48228	40724	26684	49773	36669	20099	29928	18008		
AT2G28050.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	6.86E-01	1.54	21	1	1	8h	0h	115773	303540	51255	145524	192539	133849	201055	141801	216000	161565	202303	188093	228453	255617	175725	152179	186482	116856	253254	156666		
AT2G29960.1	CYP5, ATCYP5, CYP19-4 - cyclophilin 5	6.87E-01	1.30	89	3	2	2h	0h	9659	17836	16905	16713	16927	16635	13309	17559	7724	14865	13550	14717	15885	17184	14921	17445	12734	10258	12606	16754		
AT5G60220.1	ATLA, TLA - TOXICOS EN LEVADURA 4	6.87E-01	2.95	21	1	1	2h	2h	77269	46912	39107	21712	17338	16265	23000	29632	25612	42960	40650	33109	67892	5561	51760	4469	29631	15660	39720	74389		
AT5G65940.1	CHY1 - beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1	6.88E-01	2.05	55	1	1	24h	24h	9801	33645	21666	6084	26483	8740	17032	17240	17406	9723	16439	25597	7282	20626	10936	20431	17146	7967	16990	6795		
AT5G02240.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.88E-01	1.18	887	16	10	0h	4h	2034277	2026579	1765834	1613192	1744721	1719703	1998803	1491923	1432186	1958513	1661235	1697654	1470557	1837018	1834818	1581531	1931010	2358409	1769682	1546795		
AT2G29410.1	ATGSTU7, GSTZ5, GSTU7 - glutathione S-transferase tau 7	6.88E-01	1.65	23	1	1	4h	8h	85370	93605	47141	56253	36213	52554	44481	35390	57252	58791	49021	45003	71899	35222	46485	31388	71027	68747	32000	45542		
AT1G05560.1	UGT1, UGT75B1 - UDP-glucosyltransferase 75B1	6.88E-01	2.30	250	5	4	8h	2h	95173	92930	32648	51586	30894	43142	101277	45251	34567	30109	96930	99560	98887	91345	60266	27530	98269	94265	40803	46835		
AT2G23610.1	ATMES3, MES3 - methyl esterase 3	6.89E-01	1.36	85	2	1	4h	0h	177738	191736	146260	174890	157168	148262	155970	155797	157639	167752	157879	143896	174549	136143	229153	174833	164347	61917	199834	156290		
AT4G28050.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase family protein	6.90E-01	1.57	29	1	1	24h	6h	122758	61835	75250	95075	60789	84050	121962	61200	62315	92007	96917	67929	65292	155040	67872	46447	0	194542	105984			
AT5G14740.2;AT5G14740.1;ATSG14740.3;ATSG	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	6.91E-01	1.10	2907	38	23	2h	10h	24743018	24320985	24554713	26916486	24028140	26492262	25143974	22060090	26337366	27243082	23227214	26709551	25086929	23494643	23196663	21179666	25714845	26593134	23352874	22016141		
AT3G61170.1	Ribosomal protein S19e family protein	6.91E-01	1.88	231	4	1	8h	0h	47920	48602	130604	98708	39082	53641	59119	97683	76854	57868	90754	35712	54715	40020	57613	94882	114619	80832	82632	55126		
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	6.91E-01	1.94	252	6	3	24h	4h	144216	54176	67131	112666	147831	41940	58113	42187	57013	120334	64907	31656	106946	13799	113546	34153	137014	143991	86182	75560		
AT5G10540.1	Zinc-like metalloproteases family protein	6.92E-01	1.46	680	15	4	2h	2h	91474	68448	86386	124235	45183	47053	79423	52116	82798	137795	78189	62072	119590	65971	116895	74856	124160	95995	86064	95619		
AT4G49670.1	NQR - ARP protein (REF)	6.93E-01	1.45	198	4	4	8h	0h	65826	75261	67192	79884	58164	80805	63264	74591	80581	61748	60184	99512	97571	103558	86366	70368	68818	55580	71124	138362		
AT3G24650.1	AB13, SIS10 - AP2/B3-like transcriptional factor family protein	6.93E-01	1831.11	26	1	1	24h	8h	2085	0	21	2350	0	482	0	60	12	0	635	0	18	63	6	0	49598	373	4			
AT5G17920.1;AT2G43800.1;ATSG20980.1	ATCIMS, ATMETS_MS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	6.93E-01	1.16	4018	51	25	24h	4h	33832768	29640088	35570649	40546756	34812086	34167757	33975934	33075856	33128808	37305193	32683420	34682188	34399952	34150577	32794135	38640079	30586461	46341770	31763252	36657698		
AT4G48630.1	RACK1B_AT - receptor for activated C kinase 1B	6.94E-01	3.16	181	5	1	0h	4h	29837	16734	25455	31225	5060	19251	20509	13715	18982	26124	22980	6735	17319	3004	34795	1791	36841	37943	33376	24951		
AT1G02560.1	CLP5, NCLP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	6.95E-01	1.24	284	5	5	0h	6h	580824	636558	842369	701879	642157	585341	579084	656698	673667	621459	549346	491780	698578	547210	741493	612877	533806	697213	565542	502624		
AT5G14920.1	Gibberellin-regulated family protein	6.95E-01	1.92	76	2	2	6h	0h	16246	40367	11536	5732	18431	13321	10847	19378	12589	172	23643	11734	15164	14042	9793	24192	26840	12972	1570	27959		
ATMG00240.1	ORF111A - Gag-Pol-related retrotransposon family protein	6.95E-01	5.99	22	1	1	2h	0h	706	13258	36245	6524	96223	43620	24858	82596	36717	0	16227	48460	5581	83499	2014	134085	2743	2185	6438	15826		
AT4G30160.1	VLN4, ATVLN4 - villin 4	6.96E-01	1.83	264	4	4	24h	0h	60846	63265	57451	88709	50816	102327	111984	73224	62525	79180	73963	68773	79839	76026	74141	84940	64119	168643	50384	115514		
AT2G33300.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	6.97E-01	6.47	35	1	1	2h	8h	412	6229	3959	852	625	449	2872	1443	3275	2583	3694	1567	5093	1322	2628	1470	2347	0	5206	3601		
AT5G53300.1;AT4G27960.2	UBC10 - ubiquitin-conjugating enzyme 10	6.97E-01	1.85	25	1	1	4h	0h	7844	7852	3463	11087	6058	1968	8210	6274	5139	9691	12111	3762	10611	6272	13046	8850	11608	3668	17377	14386		
AT2G07050.1	anthranilate phosphoribosyltransferase, putative	6.98E-01	1.36	22	1	1	2h	2h	32971	30328	18615	16212	22666	21937	26726	26425	20350	29613	24581	15316	27907	20716	29111	23164	31397	31748	19447			
AT1G66670.1	CLPP3, SCL3 PEP - peptidase class I serine protein	6.98E-01	1.41	162	3	3	24h	8h	607817	507401	559124	647432	545426	456634	554496	564680	403971	648576	580066	416149	585348	333027	630755	378113	561559	822794	574247	543636		
AT3G22120.1;AT4G15160.1	CWLP - cell wall-plasma membrane linker protein	7.01E-01	1.85	117	2	2	8h	0h	22012	34421	23060	38107	50837	33349	28616	40561	41634	17026	36665	64302	45832	52185	15558	54415	14963	44367	3037	39932		
AT3G57300.2	INO80 - INO80 ortholog	7.01E-01	1.20	58	2	1	10h	0h	182712	200721	144702	204648	204579	142754	176209	207138	135343	202602	204625	164184	192254	205696	217349	212144	240084	208173	164117			
AT4G15690.1	AVP1, ATAVP3, AVP-3, AVHP1;1 - Inorganic H pyrophosphatase family protein	7.01E-01	1.63	45	2	2	8h	2h	34071	27205	23831	26738	9330	19140	19994	18710	21628	30354	26363	8644	37534	22635	14608	24321	38281	27430	20601	20411		
AT1G07920.1;AT1G07930.2;ATSG60190.2	GTP binding elongation factor Tu family protein	7.01E-01	1.21	1395	24	24	8h	2h	34038185	32990826	35237646	38660260	30959573	29096180	31476607	30334577	29756477	31005235	30452088	32823751	37808893	34717285	33569458	33918593	41179199	51817627	24931732	31329841		
AT4G29150.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	7.04E-01	1.43	312	7	4	10h	4h	154950	118100	163565	211641	104486	128893	170878	156793	145506	212829	176626	102783	216946	139404	194822	157414	220383	180442	123557	97056		
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	7.04E-01	1.57	107	2	2	6h	0h	123495	80921	64236	82984	50278	70259	54831	56510	59960	87295	68191	53604	65021	66294	95950	37017	62748	47689	74866	72543		
AT3G07720.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	7.04E-01	1.33	196	4	4	24h	0h	118992	122387	123471	107061	120925	126841	116621	128635	152418	83216	116429	151672	138588	129812	133466	120471	140982	176372	101310	190108		
AT4G03520.1	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	7.05E-01	1.26	538	5	5	10h	8h	1941005	2094569	1800002	1911742	2278233	2293781	2157735	2155665	2041706	2016426	2158051	2225414	1776799	1964969	2308036	2054099	2141134	2442303	2184212	1527919		
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	7.05E-01	1.25	514	8	6

AT4G03280.1;AT4G03280.2	PETC, PGR1 - photosynthetic electron transfer C	9.21E-01	1.29	235	5	5	0h	4h	215988	199084	223289	160297	108083	237896	126456	180208	189209	169463	180344	175601	194177	156846	195364	119323	228964	341639	164249	126720	
AT3G48720.1	HXOOD-type acyl-transferase family protein	9.21E-01	1.51	60	2	2	2h	8h	22160	19102	15494	30375	28332	14157	29908	20181	11654	20587	14799	13339	16281	15860	28426	24368	8255	8710	26489	15006	
AT3G02660.1	emb2768 - Tyrosyl-tRNA synthetase, class Ib, bacterial/mitochondrial	9.21E-01	1.38	117	2	2	24h	8h	20328	14547	10291	14856	20875	9695	16535	14477	18267	13985	13909	14046	18639	8703	17619	10405	14849	25332	10784	20483	
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	9.21E-01	1.12	640	11	11	0h	4h	898767	870488	903416	1016127	729273	752470	786393	828778	769480	925113	860618	665166	977982	673152	966010	765120	930301	908352	832931	787494	
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	9.22E-01	1.83	598	10	8	24h	6h	272550	306627	353818	369220	39316	450665	424069	402529	403790	285422	219285	338475	430726	361545	455419	445943	353208	824379	90010	628554	
AT5G66881.4;AT1G70980.1	SYNC1, EMB2755, SYNC1 ARATH - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	9.22E-01	1.24	419	9	9	10h	0h	416708	322550	388024	339837	469024	543618	406817	456007	429710	366061	578927	346570	350072	438210	510520	559906	324504	446196	493579	362878	
AT5G28020.1;AT3G04940.1;AT5G28020.5;AT5(	CYSD2, ATCYSD2 - cysteine synthase D2	9.22E-01	1.16	180	4	2	10h	2h	31278	30879	22351	27099	24274	22476	24581	28183	24168	28884	25209	23826	25354	26069	26770	23646	35117	15662	29513	29186	
AT4G11990.1;AT4G31990.3	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	9.22E-01	1.17	913	16	15	24h	4h	2452962	2246204	2419236	2832650	2059730	2299923	2360255	2016673	2159628	2581632	2249523	2040222	2516402	2212647	2674534	1975579	2608896	3119855	2410227	2086831	
AT5G48710.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	9.22E-01	92.89	20	1	1	10h	24h	0	0	1166	0	10332	1781	0	5485	1226	0	0	2060	0	10414	0	15793	0	0	170	0	
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	9.23E-01	85.98	863	13	1	24h	8h	1240	0	5200	6768	535	1982	1879	4218	0	503	1080	552	144	542	2102	5793	3734	81400	0	6968	
AT1G70890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	9.24E-01	1.24	280	5	5	4h	0h	355513	502642	632774	545179	638869	603628	516206	519794	816836	569296	408968	760552	475691	714397	381063	597511	700655	420354	440009	671579	
AT5G41520.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	9.24E-01	6.49	37	1	1	4h	24h	4262	0	10628	0	20617	9597	6820	25936	13117	0	2588	9931	0	22130	0	39206	3876	2759	3235	1070	
AT2G41680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	9.26E-01	1.09	700	13	12	2h	6h	1624434	1534363	1595164	1711011	1489336	1629438	1432449	1626775	1663567	1578562	1495836	1368650	1595742	1525229	1497672	1521176	1578561	1889662	1445684	1387692	
AT3G44860.1;AT3G44870.1	FAMT - farnesoic acid carboxyl-O-methyltransferase	9.28E-01	1.43	162	4	4	24h	4h	155427	197467	189663	143050	183415	246572	169277	110717	196494	186858	130108	311492	233118	195268	202111	141549	338563	125901	197839	359024	
AT3G04420.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	9.28E-01	1.08	459	9	9	6h	10h	1086128	1130411	1023745	1178670	946972	927208	1058918	954794	1132270	1123427	1104082	1066170	1128641	1016355	1034208	852584	1151683	1256149	931249	1077077	
AT3G16420.1	PBP1, JAL30 - PYK10-binding protein 1	9.28E-01	1.41	65	2	2	6h	0h	63694	36695	51069	58926	57381	48639	71429	47319	58312	89022	39079	84802	51625	70565	53490	47278	62384	33939	83527	57349	
AT3G02760.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	9.30E-01	1.21	235	3	3	10h	0h	66042	47275	59351	77638	47348	64760	64083	50487	65314	79234	74300	52726	79578	49827	88783	48289	71408	58524	70422	78217	
AT4G29260.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	9.33E-01	1.20	32	1	1	6h	10h	66448	60345	72478	79073	74380	57855	59606	49784	82778	82214	67139	72486	73810	60858	57022	69463	58705	49562	56565	97673	
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.34E-01	1.43	55	2	2	8h	0h	4245	8027	8090	5739	10153	6454	9684	7491	9578	938	9001	14564	5042	14413	7918	14005	5920	4966	11474	11435	
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	9.36E-01	1.55	111	2	2	24h	0h	64460	51452	75983	81975	68363	75698	81344	68053	73286	77158	77894	52365	97000	55820	52561	78315	108791	175523	59241	63097	
AT3G58900.4	F-box/RNI-like superfamily protein	9.37E-01	1.79	33	1	1	8h	10h	163408	400141	129846	154289	251533	203667	181454	158877	225607	171561	147132	294443	133347	409614	154854	152930	147739	122851	238709	216292	
AT1G25350.2;AT1G25350.1	OVA9 - glutamine-tRNA ligase, putative / glutaminyl-tRNA synthetase, putative / GlnRS, putative	9.38E-01	1.68	72	2	2	24h	0h	11174	16785	10731	20565	7012	15151	9571	10437	18747	10511	20445	14588	18717	15633	16124	11803	15505	42569	9622	12954	
AT5G22780.1;AT5G22770.1	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	9.45E-01	20.36	135	2	1	24h	0h	1141	527	317	2520	0	1283	5592	0	2418	5154	4498	3976	4882	0	4510	0	9702	30149	0	10258	
AT2G24680.1	transcriptional factor B3 family protein	9.49E-01	9.26	30	1	1	0h	2h	13367	8926	0	0	1	2406	4242	0	0	3711	2142	0	1818	0	3703	0	12347	0	6421	4645	
AT1G20950.1;AT1G76550.1	Phosphofructokinase family protein	9.50E-01	1.13	368	8	8	10h	6h	235476	225001	203588	246884	181153	229766	232974	240607	194918	221692	269818	165004	271387	214579	305058	182796	256113	272690	255952	200448	
AT2G35010.1	ATO1, TO1 - thioredoxin O1	9.50E-01	1.19	63	1	1	6h	8h	13109	8288	7707	7324	11694	11745	10929	13201	8967	12440	12940	9009	11594	7741	9761	9944	12658	12916	10385	6381	
AT5G53490.1;AT5G53490.3	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.50E-01	1.11	535	9	9	0h	10h	4173840	4402351	3945305	3411711	4062681	4410901	4118418	3629072	4220582	3529506	3483662	4593971	3168038	4558506	3558831	3731935	4024726	4147713	3586053	3773085	
AT5G19855.1	Chaperonin-like RbcX protein	9.50E-01	1.17	83	1	1	0h	10h	118520	85476	91573	105065	74837	83564	95333	88985	80855	103558	81237	82151	94874	77393	83019	77526	91363	55083	87634	114154	
AT3G12360.1	ITN1 - Ankyrin repeat family protein	9.51E-01	1.18	221	1	1	4h	24h	5058092	5443567	5619014	4771931	7305845	5274008	4887691	7014319	5599033	4254341	4514554	6263094	4151811	6153776	4681168	7520617	3851074	3678553	5223891	5985761	
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	9.52E-01	1.13	1375	25	24	0h	8h	3570376	3150862	3177159	3532102	2391607	2896128	3014213	3172063	3004152	3317005	3060375	2370640	3634344	2719339	3297157	2548454	3599781	3662197	3069020	2515856	
AT2G43090.1;AT2G43090.2;AT2G43100.1;AT5(	Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase protein	9.52E-01	1.15	453	8	8	0h	4h	1166595	1111694	1112522	1311524	824617	1094819	1104620	929644	915518	1256734	1078811	861703	1106287	862300	1173097	844181	1185307	1234610	993941	834680	
AT2G28190.1	CSD2, CZSOD2 - copper/zinc superoxide dismutase 2	9.52E-01	1.39	749	9	9	0h	8h	17753655	15413187	10283361	15051281	15125147	8960057	13593789	13927555	8971162	15716750	11857986	7779537	9489796	11390965	16553706	15522634	6090643	11380983	13027224	9151313	
AT4G35100.1	PIP3, PIP3A, PIP2;7, SIMIP - plasma membrane intrinsic protein 3	9.54E-01	1.63	127	1	1	0h	8h	57573	34831	55147	37051	19628	50558	25786	35673	67906	44408	42214	29412	28984	31448	44683	12526	79670	57015	29369	19878	
AT5G67360.1	ARA12 - Subtilase family protein	9.54E-01	1.12	468	9	8	2h	10h	490941	493566	507675	537340	532881	601374	481924	494780	604476	545719	458798	605508	500318	491883	514158	554116	419384	685257	368817	522012	
AT5G51270.1	U-box domain-containing protein kinase family protein	9.55E-01	2.19	29	1	1	8h	6h	6785	10437	2828	10128	13538	1866	7505	3307	6520	10521	4452	1692	20216	4128	9694	551	17918	11484	8830	6645	
AT2G16365.1	F-box family protein	9.56E-01	1.48	24	1	1	0h	2h	1375	1490	1898	559	1197	1470	1478	1457	857	479	2456	1456	358	1875	546	2841	907	3554	559	261	
AT3G51260.1;AT3G51260.2	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	9.58E-01	1.20	496	9	4	24h	2h	288134	322277	342944	331140	309790	298337	294950	318966	354886	316617	323115	334539	340270	375403	353914	442238	316397	191452	458579	472597	
AT5G58220.3	TTL - trans/tryptelin-like protein	9.58E-01	1.33	38	1	1	10h	0h	9038	10018	5787	8994	10703	9902	12138	9538	7558	9686	7768	13709	9494	10736	6560	10989	15424	13033	12385	6161	
AT2G24060.1;AT4G30690.1;AT4G30690.2	Translation initiation factor 3 protein	9.59E-01	1.86	148	3	3	24h	6h	89329	114499	128304	89991	157180	115884	118448	168639	124099	80676	104190	126134	131131	123687	108111	141892	164824	401766	56107	121016	
AT1G48030.1;AT3G17240.2	mtLPD1 - mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1	9.60E-01	1.10	1584	24	14	10h	6h	4784553	4284337	4839997	5174571	4505637	4637358	4473823	4867539	4865581	4942367	4585965	4122822	5289951	4177962	5579291	4532132	4892591	5790968	4476460	4238725	
AT2G42540.1;AT2G42540.3	COR15A, COR15 - cold-regulated 15a	9.64E-01	1.92	438	8	5	8h	0h	131935	235753	184336	63709	455862	368236	252310	403505	312181	99734	206807	480681	123895	583863	103045	481247	179646	281384	145995	182181	
AT3G27960.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.64E-01	1.27	21	1	1	0h	6h	30331	51232	28795	24007	40298	36345	34489	35835	32271	20697	26701	39553	21139	37826	20055	46273	28383	46811	30049	20603	
AT3G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	9.65E-01	1.13	118	3	3	0h	2h	107538	149044	102372	122330	82263	111665	103390	107827	111815	104907	110892	124717	134486	101737	114343	79682	128643	118431	93132	127499	
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	9.66E-01	1.58	312	5	4	24h	2h	268666	287199	166971	174601	140809	218524	273023	192004	151996	182874	223861	176193	204417	173395	184535	172019	243462	542934	191781	111182	
AT3G16470.1;AT1G52000.1;AT1G16470.3	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	9.66E-01	1.23	182	4	3	24h	10h	237139	191317	311734	186001	192228	271647	168696	172594	276500	184129	181650	308114	191247	223105	163058	143565	298458	192869	172745	376442	
AT4G21445.1	unknown protein	9.67E-01	1.26	67	1	1	24h	0h	9003	15480	10754	12039	12287	13771	8447	19924	12419	7852	12915	18272	13913	13761	10353	10904	15724	12727	19063	12449	
AT3G44310.1;AT3G44310.2;AT3G44320.1	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	9.68E-01	1.11	1325	17	15	24h	10h	7996772	8704718	8284908	7807833	8842025	8645503	8818146	7093683	9660552	8164843	7921892	9900822	7381550	9826129	7934064	7277408	8797369	9158412	7713366	9704207	
AT2G31810.2;AT2G31810.1	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	9.70E-01	1.73	35	1	1	8h	6h	7717	4370	1986	12328	1824	5539	3268	4771	4504	4537	4996	2665	9620	4447	6127	1899	8227	6535	4262	4280	
AT4G32720.1	Ate1, Ls1 - Ls protein 1	9.70E-01	2.36	42	1	1	24h	6h	3324	3135	9077	6441	5346	7144	6497	7834	7254	2341	3315	8058	14509	2848	4752	8835	7227	21912	814	9671	
AT2G38960.1	AERO2, ERO2 - endoplasmic reticulum oxidoreductins 2	9.71E-01	1.43	28	1	1	10h	6h	56008	44163	94470	61401	39154	109089	82523	65955	70996	86071	33821	52458	82729	70651	50373	52769	142512	124246	54849	38613	
AT1G44181.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	9.71E-01	1.10	457	11	9	4h	8h	470145	476160	370395	438182	405000	459426	445603	491762	421482	434484	433628	398326	430913	391966	429947	443147	451054	571228	418969	335170	
AT1G70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.71E-01	1.48	28	1	1	24h	4h	93829	57341	88015	127273	53958	74015	60875	51613	87191	79987	69963	62073	75690	60270	72656	58166	79132	170793	42387	81666	
AT1G09130.1;AT1G09130.4	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	9.72E-01	1.11	368	7	6	2h	0h	771514	970353	809815	855517	1051749	920673	890811	1077743	825061	904084	806224	901052	872704	858368	884156	910183	854763	1252233	714462	811216	
AT4G14100.1	transferases, transferring glycosyl groups	9.72E-01	1.09	46	1	1	6h	10h	59280	59340	72710	57789	64927	54198	52091	61294	66793	57899	67026	67308	66091	57846	56965	61063	58518	43583	58914	78634	
AT1G63940.1;AT1G63940.2;AT1G63940.3;AT1(	MDAR6 - monodehydroascorbate reductase 6	9.73E-01	1.06	1202	18	18	4h	6h	3355545	3545872	3278855	3310968	3848661	3329799	3482936	3480430	3593960	3435451	3231887	3286109	3215672	3599930	3200647	4186862	3061237	3723656	3491273	3316257	
AT5G07460.1	PMSR2, ATMSRA2 - peptidemethionine sulfoxide reductase 2	9.74E-01	1.53	38	1	1	6h	24h	4219	4211	9661	8158	3015	4334	4514	3716	6914	7409	1780	10950	7154	5977	2913	3328	9422	1842	5096	6228	
AT5G01120.1	MTO1, COS, ATCY51, COS1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	9.75E-01	1.29	219	4	4	2h	0h	148887	75775	167216	220125	115208	168809	137017	120312	137554	196686	127458	116664	208155	77701	153789	84666	208908	132238	135542	134340	
AT4G05523.1	unknown protein	9.76E-01	2.47	26	1	1	24h	4h	43145	36221	19251	22249	20223	33505	24173	28218	18330	34278	31434	32149	28707	28741	19392	29722	33308	140774	22098	11763	
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	9.78E-01	1.07	2521	33	31	10h	2h	22414051	19365439	19717308	20587553	18718875	19829185	20623852	20172767	19591255	21657620	20312007	18465437	21103393	18445815	20877731	21532719	21055975	24830809	19508159	16534968	
AT5G58720.1	snrr (Small MutS Related) domain-containing protein	9.81E-01	12.44	26	1	1	24h	8h	0	3588	0	0	5880	3167	1568	1101	0	1810	1722	0	0	948	0	1416	6232	17690	0	0	
AT3G28720.1	unknown protein	9.82E-01	1.48	22	1	1	24h	2h	20776	11850	11005	11107	7950	12264	14368	11067	6810	17858	18815	2568	10423	13144	17432	11072	13661	28050	14145	4092	
AT1G10370.1	GSTU3, ATGSTU7, GSTU8, ERD9 - Glutathione S-transferase family protein	9.84E-01	1.12	271	4	4	10h	8h	1272507	903791	1176912	1219016	1227155	917644	1013978	1109838	1102068	1196016	947229	1008398	1120366	934479	1345348	998324	1116475	1512028	961725	971210	
AT1G12520.1;AT1G12520.3	ATCCS, CCS - copper chaperone for SOD1	9.85E-01	1.63	96	2	2	6h	24h	71972	40737	26128	97968	27614	25430	73962	29106	21290	95138	46327	18535	40102	27006	71382	22877	31249	50536	34198	13559	
AT5G35790.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	9.85E-01	1.12	201	3	3	2h	6h	99731	80983	87952	80772	115346	83840	72306	102691	94034	78375	81292	90960	78006	95350	83375	100453	73051	105937	79423	70406	
AT5G10060.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	9.85E-01	1.19	215	6	6	8h	0h	256723	252086	268744	217805	306815	360980	242213	276569	287191	229363	240175	351404	253045	363969	356446	325064	241420	166328	267188	465578	
AT5G52300.1	ATPQ - ATP synthase Q chain, mitochondrial	9.86E-01	2.28	30	1	1	24h	4h	2256	2414	7607	6173	3228	6633	3080	2840	4526	3671	3072	5013	4363	2887	4167	7376	1780	17538	1177	5069	
AT4G25100.1;AT5G25100.4	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	9.86E-01	1.23	305	3	3	24h	6h	2439172	2863935	6584584	2351038	3590374	5124042	2281284	3474065	6125920	1821782	3065857	5434904	3844073	3906226	2953693	3540541	4283384	4278982	3394742	5056139	
AT4G37930.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	9.87E-01	1.07	3146	46	28	2h	6h	35130467	35076122	35018410	38393388	37826779	34902108	35144271	35308260	34314304	35911682	34379848	33653572	36088295	34963562	35092720	37088099	32594541	46019117	31806878	28608128	
AT3G13920.1;AT3G13920.2	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	9.87E-01	2.54	523	11	1	24h	2h	10427	9938	11142	12895	2974	6727	11235	9907	10314	21101	14387	7814	22905	3776	24907	2393	20727	1085	31239	24986	
AT2G05320.1	Subtilase family protein	9.88E-01	1.17	91	2	2	6h	24h	20107	20399	12970	20359	21670	11520	16347	13283	20337	12244	17045	17511	14285	18715	19521	17072	17965	24420	13278	12871	
AT1G16210.1	unknown protein	9.88E-01	1.76	56	1	1	24h	6h	7930	7794	6270	4133	14718	12128	8033	12178	6557	5183	5578	9669	9485	12742	6009	18636	4467	22101	1376	12482	
AT5G53380.1	O-acyltransferase (WSD1-like) family protein	9.90E-01	1.79	23	1	1	24h	2h	14564	25899	16021	11167	13240	16993	19232	12874	11978	10593	12716	19999	15002	26296	10329	19252	12816	1664	24129	48168	
AT5G18100.1	CSD3 - copper/zinc superoxide dismutase 3	9.90E-01	1.40	60	2	1	8h	24h	49798	58978	39995	50387	46911	60743	43315	50536	44957	49349	46084	44090	41117	37996	47545	46250	32447	107870	31897	26755	
AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family protein	9.94E-01	1.31	280	5	5	24h	10h	108227	139925	125752	126080	162670	104856	113891	100719	138368	148189	105431	119786	106166	115789	85334	111676	132386	267528	68828	96508	
AT2G20860.1	LIP1 - lipoic acid synthase 1	9.95E-01	1.33	21	1	1	24h	2h	17849	15278	21995	24436	16055	10039	19952	15185	18271	18807	23497	10155	16428	21135	20343	21143	19595	42482	6610	17921	
AT2G42530.1	COR15B - cold regulated 15b	9.96E-01	1.25	475	9	6	10h	24h	276848	705318	379741	210178	542456	599122	447528	608615	424658	213281	592378	568958	289109	634463	325901	721505	492076	476966	411956	341896	
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	9.96E-01	1.10	1630	24	19	2h	6h	67026793	73661499	67865291	54419089	84680590	77861511	70205645	68288491	67229327	55399918	64497766	76920518	53351195	82541360	66813985	79456685	56353152	87372715	57890493	67054901	
AT4G25530.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	9.96E-01	1.53	40	1	1	24h	2h	6954	8795	3544	7897	4775	6111	5958	11458	2728	8371	7209	4515	7504	6604	7130	6291	9592	7290	19014	2351	
AT4G28490.1	RLK5, PAC - Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	9.97E-01	3.12	50	2	2	24h	4h	7003	17479	13069	13107	12054	8856	9010	13281	5748	7618	7856	19986	8400	11339	4446	19286	18558	76145	4469	6851	
AT5G02960.1;AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	9.98E-01	1.52	99	2	2	6h	8h	112012	86997	159226	176523	53332	175085	101140	147634	98680	260918	118648	64702	105521	89391	93337	83989	202992	140497	101678	129935	
AT3G15690.2;AT3G15690.1	Single hybrid motif superfamily protein	9.99E-01	1.07	67	2	1	2h	24h	93208	94559	74755	109745	73489	81040	86870	69722	99529	78977	90300	90786	92654	80632	96083	90129	73432	90929	82203	73978	
AT1G01080.1;AT1G01080.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.99E-01	1.10	174	5	4	24h	10h	273224	301770	345672	318518	321975	319227	263360	292681	358581	279759	273564	342932	275396	318962	308261	296205	281094	496722	193590	281429	

Tabelle B6-b: mok3 DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA o.D.5 und Max fold change≥2.0

											Normalized abundance																	
											0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
AT3G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	9.20E-07	2.98	1683	27	26	24h	0h	ATSG03340.1-ATGS3230.1	3779690	3565886	3724036	4180788	3569352	3979105	4138995	3905906	3313472	4581309	3561645	4731887	5488471	4593515	4517715	9261177	6969616	5806171	9406278	12920604	10633908
AT2G42420.1	Cytosol aminopeptidase family protein	3.79E-08	5.66	2006	24	15	24h	0h	AT2G42200.3	6925577	6946957	6378032	6778930	6190472	7749481	6824748	6873552	7338249	7751981	7259673	7473488	12898985	11629136	7658089	21432558	15462457	12580572	31661446	46948583	35968891
AT4G26970.1	ACP2 - aconitase 2	5.99E-07	2.45	1523	21	18	24h	0h		2183474	1816751	2116136	1972576	2032868	2280557	1867574	2060470	2047391	2378994	2212164	2241157	2578867	2653622	2251141	3472289	2895487	2572627	4519258	5815847	4297621
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	1.20E-08	8.99	1380	21	21	24h	0h		1423407	1335973	1440884	1548190	1422717	1665848	1576007	1546490	2355463	1785034	1564557	1589458	2829789	2268209	1780934	4502723	3985915	2791718	11191292	16431383	10129292
AT3G17390.1	MTO3, SAM53, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	5.85E-05	2.45	1470	20	12	24h	0h		4990192	5306091	5229032	10900861	9791372	8717944	11816071	10710615	8870665	15106507	10463410	11463042	15978774	12780552	12085764	13655145	14302597	11774969	13035726	16719621	13176051
AT5G11670.1	ATNOA1P-ME2, NA1P-MT2 - NADP-malic enzyme 2	1.22E-07	3.66	1572	20	13	24h	0h	AT2G19900.1	4546525	4061488	4434162	3963179	3693162	4862874	3103738	4425694	3933534	4912495	4644023	5904276	7635416	7142369	5583145	11888040	8880749	8128887	13596850	16223627	13054813
AT1G02929.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	1.71E-09	22.08	1320	17	17	24h	0h		1140845	1132559	888011	808349	933566	1347339	952853	1152969	1071630	2783005	1780793	3077483	5500967	4383336	2724765	11239561	7745572	6097721	20474216	28293549	19457564
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	4.45E-05	2.49	1427	18	10	24h	0h		9796785	7949649	8356077	9570984	7992795	7982870	9224647	9080043	8554239	9266762	8743477	8501296	9636663	9678015	8658963	7030987	11917900	9921932	19172883	26322820	16983169
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST5, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	1.09E-06	2.91	1246	16	16	24h	0h		1947658	1688451	1457468	1468443	1448649	1457468	1449043	1486489	1500607	2306166	2669560	3654455	7227164	4539802	5825391	10889520	8344257	7462607	24974460	34592222	31750984
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPMZ4.1, ATPMZ4, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	2.37E-08	5.72	1202	17	15	24h	0h	AT2G02930.1	9589453	6975100	7793665	6360593	5482854	7180354	5946764	6052418	6361081	7286510	6856703	10208495	13945371	13240011	10201803	15590321	18080017	15075550	30878195	44688885	29540702
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	3.62E-07	5.20	1289	18	11	24h	0h	ATG17760.1-ATSG17330.1	562128	488495	530019	550662	494142	545391	780584	830926	654778	1464792	882413	1297481	1919593	1971689	1145776	3273470	2531623	1934830	4502166	6950026	3866259
AT5G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	5.12E-06	2.62	1163	15	14	24h	0h		1366481	1052902	1342177	1327381	1096048	1660035	1213758	1560387	1503800	1579814	1521650	1914025	2138198	2221337	1913925	2219139	2292628	2236208	2934695	3900827	3014920
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, ZIL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	8.91E-09	8.66	762	14	13	24h	0h	ATG05730.2-ATZG29690.1	362872	338941	330036	357080	254571	328539	331663	328292	310014	437789	335635	507507	948170	747799	539780	1212136	1226584	965193	1988253	3183954	2666813
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	1.46E-07	2.41	898	13	10	24h	0h		753101	693075	707403	732959	655814	907754	728369	774262	780133	775971	669369	805396	997073	801213	833202	919130	948761	792148	1507935	2222492	1459134
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	2.79E-07	3.63	973	13	10	24h	0h		240226	262204	255076	340326	302804	331299	335544	318396	262158	446809	297727	439189	477499	540285	403581	823178	670339	655514	842079	1121040	777228
AT5G22890.1	APS1 - ATP adenylyltransferase 1	6.31E-05	2.33	871	12	10	24h	0h		1597781	1322531	1938200	2533208	1992013	2719047	2088051	1860962	2269557	3451349	2450764	2705157	3385528	3240637	2808251	4084633	3530944	3421426	3464152	4571370	3578392
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.34E-05	4.30	611	11	11	24h	0h	AT4G30550.1	596710	542767	698970	630874	408755	1027453	699958	713163	681108	975588	868334	954757	1572860	1167426	1124557	2256079	1498589	1397075	2323261	3347482	2242518
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	2.26E-07	3.35	682	13	13	24h	0h	ATG5052990.1-ATG52990.1	841035	744527	959611	828325	888733	923699	833032	957863	833199	909527	892924	953547	928204	1014001	857229	1599982	1188570	1055220	2612022	3545201	2367347
AT4G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	9.18E-06	2.27	705	12	12	24h	0h	AT5G05460.1	764734	584030	685162	812880	670224	735961	642727	762174	773909	758774	658003	736326	885092	767148	796419	1039703	1017625	802494	1142436	1838487	1439323
AT1G21130.1	O-methyltransferase family protein	1.48E-07	6.68	859	12	2	24h	0h	AT1G21130.2	249893	175532	229270	293907	291152	199877	468454	383147	297834	1005152	548223	861668	1594177	1211262	996722	1645903	1501795	1117838	1088245	1940496	1344600
AT2G05710.1	ACO3 - aconitase 3	1.23E-02	2.11	618	11	4	24h	0h		246967	292511	271459	270916	228919	365251	235444	303210	250363	231327	137767	304115	323395	280518	258339	339380	264671	278440	463602	536279	420942
AT1G02500.1	SAM1, SAM-1, MAT1, AtSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	1.60E-04	4.56	612	11	3	24h	0h		90863	107019	181842	259727	205805	230128	403355	295759	794934	643452	417940	357071	482543	334861	320869	701676	530049	440849	595093	1054144	491706
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	7.18E-07	8.07	761	10	7	24h	0h	AT1G53080.1	811717	424527	432831	365289	364274	446246	462621	500827	576074	678985	696445	957372	1681308	1253464	888746	2876572	1779736	1653818	2620500	4294636	2575056
AT4G35830.1	ACO1 - aconitase 1	1.20E-04	2.26	629	13	8	24h	0h	AT4G35830.2	687866	498948	755944	762658	833759	971055	670890	794256	731567	716740	711766	808251	828603	955613	881600	1214977	886760	908944	1285163	1741714	1373157
AT5G17600.1	ATGSR1, GSR1-5, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	2.73E-06	3.33	711	10	6	24h	0h	ATG17820.1-ATSG16570.1	1011312	1001781	1084983	930209	834935	1193403	1031710	1134175	1029727	1293522	1060859	1494557	1912836	1883944	1433610	2053979	2762203	1867031	2566421	4548349	2744470
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	5.19E-06	2.41	721	10	10	24h	0h	AT1G04710.1	2491743	2021438	1711875	1754164	1706024	2173567	1753576	1720171	1566411	1604580	1775777	1818559	1650281	1980510	1671455	1975621	2070068	2074371	3353063	4677248	4104629
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.72E-09	10.69	541	10	9	24h	0h		217600	150645	225425	212693	199056	176095	220915	202830	225756	299206	236690	406476	609259	572199	416419	1315913	1065320	708181	1818548	2541809	1920758
AT4G35680.2	ACS - acetyl-CoA synthetase	1.25E-06	3.75	494	10	10	24h	0h		355802	306033	288309	328229	325118	415059	357209	378977	309484	462153	353933	335255	483214	413347	352095	606679	616617	464450	1044793	1579842	939186
AT5G42020.1	BIP, BIP2 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.40E-03	2.09	644	10	1	24h	0h	ATG5420202	159630	229313	212012	157011	148090	153178	144705	165801	131380	143402	112874	85929	196661	132554	175647	261671	197354	207963	228576	283310	204802
AT4G15530.1	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	1.81E-04	3.22	613	10	10	24h	0h	AT4G15530.2	897223	674988	447965	435283	537077	707974	442342	619420	505866	357014	563951	562377	623539	703588	588924	524934	610716	547217	1407929	1947431	1417409
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	4.25E-06	2.63	595	10	10	24h	0h	AT4G28470.1	397867	384099	320716	503395	477882	565319	504743	410301	414048	579933	458868	498139	529780	555121	461925	652420	578694	493355	896518	1121803	886473
AT2G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	2.58E-06	2.70	895	11	11	24h	0h		774490	787156	785841	808698	903777	799552	978785	1152314	910586	1543051	1139942	1399962	1756483	1464153	1183708	1853760	1596099	1557547	2079498	2862164	3836954
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	1.18E-07	4.23	837	11	4	24h	0h		1278729	1035265	1297495	1175798	1368097	1473134	1401657	1412579	1193942	1684611	1395962	1595633	2204130	2125879	1557864	3537545	2570310	2408533	5287098	5883611	4109353
AT1G78850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	3.02E-04	2.81	428	9	9	24h	0h	AT1G78860.1	1976730	1296177	1140253	1282180	1077841	1380541	1080910	1419137	1166949	1598914	1234409	1457869	1709385	1744789	1249981	1838983	2113649	1701721	2581901	4616835	3102518
AT2G25010.1	EFC, ACD6, EDE1 - ethylene-forming enzyme	1.47E-05	2.87	754	10	9	24h	0h	AT1G12010.1	1824651	1536962	1677466	1677466	1507552	1977591	1771751	1429350	1321140	1838109	2050967	1750357	3514312	3182520	2743091	4527244	3542157	4169248	5832236	3947379
AT3G14990.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.12E-07	3.18	689	11	11	24h	0h	AT3G14990.2	1249515	1136453	975711	1007062	1018070	1259615	858839	938551	968878	895034	849405	1060607	971164	1015730	899763	1257618	943791	1036624	2770631	3590349	2425091
AT5G63680.1	Pyruvate kinase family protein	1.96E-07	2.58	314	9	8	24h	0h	ATG5085701.1-ATGD40450.1	408439	333415	428736	396477	359840	422389	323552	391556	378351	521910	305793	377274	428378	354726	386098	385455	413195	395576	831153	983522	782339
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	1.59E-08	5.04	601	9	9	24h	0h		689673	650187	680722	637767	599989	657964	448146	544146	511151	592291	584562	512871	714095	630950	562193	987738	900002	789760	2216511	3184973	2613478
AT1G75040.1	PR5, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	2.02E-06	4.78	709	10	10	24h	0h		886170	614931	875979	789378	615318	578299	741877	759412	665639	867849	670486	866306	1098057	580403	844357	1239632	1156598	1260899	2685848	4185987	2601378
AT2G20610.1	SUR1, HS13, RTY, ALF1, RTY1 - Tyrosine transaminase family protein	6.25E-06	2.65	428	9	7	24h	0h	AT2G20610.2-ATG28420.1	387695	422538	545720	427568	393672	435767	422321	396746	365374	418236	392069	489337	581367	524416	571400	671404	575838	594011	858599	1318844	936396
AT4G04640.1	ATPS1 - ATP sulfurylase 1	6.46E-05	3.05	670	9	7	24h	0h		581955	614775	626174	727337	661802	644916	576179	788898	629214	945294	633660	774697	695232	642844	622150	1746754	1062517	861682	1581139	2165532	1618474
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	1.34E-06	4.99	466	9	9	24h	0h		156742	241415	193602	237160	230856	308693	189349	276933	236501	255640	211068	275091	383057	361052	295133	462644	383580	376094	773477	1350811	826933
AT2G43590.1	Chitinase family protein	5.75E-09	16.26	921	15	15	24h	0h	AT3G47540.1	814775	705953	542864	713351	625659	600054	744121	726090	613741	1006801	715317	773424	1422289	1283473	849817	3522410	2270912	1953733	8537926	15103017	7896155
AT4G16530.1	Legume lectin family protein	3.15E-07	8.70	723	9	9	24h	0h		737550	484004	721160	613356	475443	899709	644224	772081	648648	1043356	1104450	1732524	1398207	2096631	1554932	4981316	3456082	3445036	3851694	7855573	5202610
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	4.46E-07	3.34	455	8	6	24h	0h	AT2G17630.1	650392	595262	547959	542264	472777	712376	517257	552153	491578	573695	491057	612907	876088	797668	642723	1194663	1049851	952187	1492436	2133137	1583304
AT1G77510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDI6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	5.09E-06	2.97	434	8	5	24h	0h		130524	88570	131810	138432	135549	149074	114339	124532	118303	122256	98303	158971	196840	147739	124981	183891	211369	170127	258190	1	4616835
AT1G23730.1	ATBCA3, BCA3 - beta carbonic anhydrase 3	7.29E-08	6.93	576	9	9	24h	0h	AT1G70410.1	283852	271613	316692	295713	288326	312754	332843	330864	273708	304504	210615	285948	314080	338846	281975	557693	523186	389863	1348254	2727323	1475387
AT4G24350.2	ATTSB2, CSY4 - tryptophan synthase beta-subunit 2	1.77E-04	2.20	390	8	7	24h	0h	AT4G24350.2-ATG60100.1	236279	154586	186990	185540	581728	765821	570334	566206	521751	584281	458495	608488	881612	701650	638260	863273	628171	561613	1076067	1603866	1073631
AT1G76140.1	Prolyl oligopeptidase family protein	5.73E-06	3.10	288	8	8	24h	0h	AT1G76140.2-ATG20380.1	491398	411470	435240	621909	454346	618867	573630	511601	531065	606846	532455	635081	633783	695516	579919	1050060	693388	607738	1138734	1439724	1107811
AT4G16260.1	Glycosyl hydrolase superfamily protein	6.41E-06	12.21	654	9	9	24h	0h		113628	116800	105989	96028	110344	107207	50037	136640	103975	65312	76264	76089	132535	100856	59560	396834	178782	138800	798747	1183719	674841
AT2G36460.1	Aldolase superfamily protein	2.11E-02	8.14	798	10	1	24h	0h	AT2G36460.2	23337	14267	19733	14266	3224	3279	17416	9646	5199	67	2557	11358	34593	31089	15896	51381	30325	21761	44451	31962	33561
AT3G61440.1	ATCSY1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	7.34E-06	2.51	359	7	6	24h	0h	AT3G61440.2	604149	758787	524556	748132	678010	840672	720963	752405	672885	572572	741961	729241	663925	777020	621347	1308424	874735	775546	1276437	1808429	1267116
AT5G54500.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	7.88E-09	9.07	428	9	9	24h	0h	AT5G54500.2	503540	496348	480487	487435	440337	497072	398814	411893	386260	490044	358588	558024	649239	771809	535900	1470543	963472	769048	3107726	4441129	3303261
AT5G49120.1	ATPBS3X4, PER3X3-4, ATPC8, ATPC8, PRX4 - peroxidase C8	5.28E-06	3.83	508	7	7	24h	0h	AT3G21980.1-ATSG49110.1	318540	965399	937566	717758	791804	810288	664169	1003941	634748	788790	842667	685777	864880	1074243	815375	883442	871061	966519	2498028	2818387	2454461
AT4G16590.1	PTR2 - thioredoxin-dependent peroxidase 2	6.21E-07	2.41	524	6	6	24h	0h	AT4G16070.1	446591	457953	425716	428420	518141	563650	373850	524626	417949	1244858	701550	1032211	1960625	1432753	1011202	5488690	3209762	2151405	6259421	9361734	6491192
AT4G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	2.83E-04	3.99	328	7	4	24h	0h	AT4G16280.1	91057	140351	170230	177334	140414	156547	232661	181634	163974	231809	164375	179111	186140	231261	121853	238100	207777	189167	471258	754638	377645
AT5G56150.1	Pyruvate kinase family protein	6.31E-07	3.42	428	7	6	24h	0h	AT4G26390.1	307285	425451	354631	393040	412377	388508	345579	436487	318655	348650	305596	390199	491859	392893	342760	790167	599643	563691	1145990	1379722	1029192
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.73E-06	3.10	444	7	7	24h	0h	AT3G19010.2-ATG19010.1	408135	377261	384473	430261	377422	437176	372547	348966	578033	453779	615199	856061	805446	653586	529509	1011733	686974	1080828	1467794	1080145
AT3G59050.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	4.41E-09	18.67	346	7	7	24h	0h		33808	39907	44255	38897	33903	33607	42469	42779	41299	57495	36514	51976	80900	118659	56641	290575	204751	137584	541171	872139	573534
AT4G27070.1	TSB2 - tryptophan synthase beta-subunit 2	4.20E-02	29.59	589	7	1	24h	0h		295	2889	3591	4433	3267	1331	1294	3465	4334	487	684	6107	5552	98	6231	3599	1523	17861	110841	51552
AT4G21750.1	ATPDIL5-1, ATPDI5, PDI5, PDIL5-1 - PDI-like 1-1	2.78E-06	2.88	628	6	3	24h	0h		155579	133263	149432	143143	144686	185583	179182	162890	103757	199232	143950	180542	251599	185111	197882	198652	219003	232309	308274	456640	324409
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	3.28E-08	7.06	372	6	6	24h	0h		667043	683420	608798	601245	601933	702639	657294	728957	536271	1010583	773830	841689	1425558	1377310	1035001	3866560	2283667	1706246	4212042	5393851	3844560
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	5.87E-05	2.24	384	7	7	24h	0h	AT1G61030.1	587920	794075	830295	768818	974658	689998	721960	709806	595580	698665	746272	589662	800987	690504	1005970	1622667	877531	1362586	1828062	1255531
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	1.09E-04	2.73	384	6	6	24h	0h		280674	376804	437612	640236	538949	799452	719971	654233	570790	665821	608035	777541	756977	858503	842231	880422	752156	700460	884851	1142691	963230
AT4G21580.1	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	5.64E-05	2.59	291	6	5	24h	0h	AT4G21580.2	298340	363068	271805	264866	337204	406936	262331	288438	274773	273846	223488	348853	365803	409293	325636	413027	376969	364707	610817	857984	668833
AT2G21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	3.77E-05	2.61	263	6	6	24h	0h	AT2G21620.2	471169	362898	335739	343032	360019	389000	313882	329482	291872	338721	330227	352121	376374	317476	319170	337674	433552	355012	632374	1097769	709296
AT4G16760.1	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	2.51E-04	3.35	399	8	8	24h	0h	AT2G35690.1	540671	498991	373728	345778	291770	571557	324698	431985	361052	434320	324622	662819	339075	380080	315830	619639	427161	1114034	1857932	1075239
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	5.79E-03	3.61	236	6	6	24h	0h	AT3G43190.1	100462	114006	115687	134650	106886	81031	174321	121835	577452	129630	171662	118785	93269	167457	125387	125360	145681	139930	469033	387192	309130
AT3G05530.1	RPT5A, ATS6A-2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	3.30E-06	2.71	229	6	6	24h	0h		127708	108672	123520	183897	134949	170800	172836	129844	133443	192087	163997	167082	187635	171958	166301	241565	253032	215500	287756	395650	292152
AT4G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	1.53E-05	11.36	289	6	6	24h	0h	AT2G34810.1	22195	14067	19844	28155	17175	20991	28113	35423	13772	27201	49857	33913	53592	51260	36831	165997	82027	86914	256531	280949	206980
AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	2.17E-04	21.82	407	6	6	24h	0h		12427	6296	26970	41767	13893	19265	10571	12219	17311	17283	5436	43799	48058	34807	68385	106950	80177	63806	140991	515935	218148
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	8.02E-07	3.69	419	6	2	24h	0h	AT1G61030.1	113713	94417	105209	92162	85639	92194	104308	100963	92733	108175	105399	127457	134893	144814	131891	156349	170099	147116	275395	414193	307764
AT4G30910.1	Cytosol aminopeptidase family protein	4.31E-02	6.16	418	6	1	24h	0h		1185	1520	3809	10838	8449	5719	13095	10432	5622	16743	7712	2790	8897	14114	1989	31090	10449	15312	29795	33786	22618
AT4G37930.1	ATGSTU19, GSTB, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	4.48E-05	2.21	225	5	3	24h	0h	AT4G37820.1-ATG17170.1	694116	632974	641628	664492	495398	607246	607480	478544	534101	417140	473017	669288	691354	665730	574098	562150	623438	590016	1076319	1197320	1165621
AT4G15980.1	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	2.05E-07	2.58	307	5	3	24h	0h	AT4G15980.2	1594155	1703198	1826825	1592465	1747321	1752287	1879082	1898291	1638111	2097566	1561345	2115771	2234607	1798592	2910045	2894292	4168946	6036492	5393053
AT1G18210.1	Cation/H+ exchanger 17 family protein	1.91E-04	2.38	400	6	5	24h	0h		899699	725507	800902	671402	699730	865322	699557	748656	760899	876796	629354	875033	957415	962785	831292	1171346	932772	930548	1165978	2321600	1585657
AT5G11520.1	ASP3, YL54 - aspartate aminotransferase 3	1.48E-05	2.65	139	5	2	24h	0h		103894	83133	110019	98098	96713	110032	89351	85648	93150	116338	85015	100813	119330	94745	113430	69029	91031	79493	186807	263064	184675
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.90E-05	2.51	192	5	5	24h	0h		308248	279954	284803	458550	370409	493744	433796	430418	324124	423146	323414	423886	435418	342128	386253	549048	468394	420159	672390	771464	744190
AT4G08530.1	Clathrin, heavy chain	1.20E-03	2.13	348	5	5	24h	0h		22978	28359	22581	46917	33740	38557	28409	20475	31537	36992	32359	39764	36658	38879	38873	24223	41969	38033	50617	61395	45747
AT1G79930.1	MSP91 - heat shock protein 91	4.34E-02	3.24	401	7	1	24h	0h		15419	15073	13150	13887	36665	21452	20190	16182	5261	39826	27159	15172	23692	17646	10717	55903	24115	19283	42249	42893	49885
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	9.53E-04	2.86	284	5	4	24h	0h		130160	90034	92507	236165	180723	223337	103662	154494	228719	154676	182900	212590	215979	226327	190025	268654	252913	241203	335469	319005	
AT5G02360.1	6-

AT2G03550.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.02E-03	2.65	55	1	1	1	2h	24h	18152	12223	21548	25286	31106	34686	29159	15747	25395	29106	25789	18639	15788	18301	22425	7638	13453	17910	13264	9951	11177
AT3G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	1.31E-02	5.00	22	1	1	1	2h	24h	30150	64298	51628	37365	33446	96633	60300	46896	19750	38581	31753	43382	50972	25114	36172	30589	46347	39952	14089	15301	4070
AT1G09795.1	ATAT4-PRT2, HSK1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	5.00E-02	2.40	50	1	1	1	2h	24h	12401	9758	9467	12202	18164	11483	7178	9890	2510	10607	9583	11266	11978	9100	9062	11904	10727	9362	9790	3527	4146
AT3G08010.1	ATAB2 - RNA binding	3.46E-02	4.00	71	1	1	1	2h	24h	13385	9502	30943	33946	23752	16369	26045	17946	11688	20016	11890	22280	13888	17398	18980	14610	21075	15040	8034	1814	8678
AT5G65260.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.18E-02	2.03	31	1	1	1	2h	24h	14404	19994	18985	37293	33341	25001	23969	18456	12016	23550	29012	16549	18329	23886	21118	22207	24856	16820	16239	15247	15626
AT1G08490.1	ATSUFS, SUFS, ATCPNIFS, ATNFS2, CPNFS - chloroplastic NIFS-like cysteine desulfurase	2.08E-02	3.25	49	1	1	1	2h	24h	3494	5186	4605	7885	8677	10050	7338	4631	4259	3415	3404	3986	5407	5420	9520	4284	3650	9986	1231	1836	5120
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	1.59E-03	6.98	474	10	10	10	0h	24h	AT1G45130.1	2350174	1240230	445220	503578	608164	635037	424747	585800	558038	372600	483436	406635	301037	465207	307206	203801	301344	382169	183793	160801	233557
AT4G18440.1	L-Aspartase-like family protein	2.37E-04	3.21	602	9	9	9	0h	24h	AT1G36280.1	1603013	1346256	1710750	992419	1319183	1861190	1530888	1134316	1443782	1145505	1205906	1162853	990564	1387103	1420301	865134	921676	1087925	578456	291448	583569
AT4G00480.1	ATIRX8, IRX8 - ATP synthase subunit beta	2.68E-03	2.33	483	7	7	7	0h	24h	25540545	24794646	13618128	17225235	21674060	22264809	17211578	23763512	18196016	16360948	17791005	20067456	21497259	19717310	21583805	27020880	19360036	19472930	14312627	10470954	11187405
AT5G38410.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.76E-05	2.41	260	5	2	2	2h	24h	AT5G38410.2;AT5G38420.1	119146221	81414956	124584794	73858458	95754293	86172061	100359800	93644906	111600425	93264333	101849538	90659354	88061029	100876572	94167463	59447768	89360028	65274297	42512202	41464499	50782982
AT3G55580.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	8.09E-07	2.07	294	4	4	4	0h	24h	9636268	8223133	10295048	9654477	8483498	9267276	8607318	8547912	9021265	7890059	8096787	8015344	8583037	7933121	9336628	6759878	9073994	7902223	4577226	4235152	4776625
AT2G40490.1	HEMS2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	1.41E-03	2.23	148	3	3	3	0h	24h	433514	261561	278912	291675	238173	329980	354401	297618	247589	293539	268546	302825	319405	236196	229940	152221	235476	232154	136792	144482	156286
AT3G25660.1	Amidase family protein	2.27E-05	2.48	210	3	3	3	0h	24h	259838	207959	221575	246082	196972	213899	198984	234650	214670	206492	210782	203684	210484	174805	225192	150373	215384	152133	110364	70406	97545
AT1G00120.1	ATP-A - ATP synthase subunit alpha	1.75E-02	2.36	61	2	1	1	0h	24h	4448320	2613132	5214335	1900749	3541436	3135771	2856783	4433395	3819188	2992710	3314625	2681644	3414063	2905788	3251701	2048232	2954139	2023819	2263113	1184868	1745986
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	4.47E-02	2.23	77	2	1	1	0h	24h	285549	302104	372302	155191	225967	211259	181233	212909	179435	211954	153112	305189	202866	213399	291613	226215	182112	246005	122801	85207	222803
AT5G05730.1	Encodes a defensin-like (DEFL) family protein.	1.05E-03	3.32	176	2	2	2	0h	24h	683671	493720	588476	626844	315566	315129	525530	408578	613106	607577	463812	551288	373433	408764	600124	588776	367839	364075	252021	136035	134089
AT2G33830.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.60E-05	13.79	89	2	2	2	0h	24h	AT2G33830.2	224132	159197	141950	48488	65448	58167	33112	41758	55922	5317	25295	23949	16868	23332	31318	6000	10758	26411	7626	13401	17073
AT1G52400.1	BGLU, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	1.20E-02	4.10	101	2	2	2	0h	24h	179325	125022	98204	33697	24826	91494	53907	40851	47615	35963	37530	40200	60230	67604	43942	14978	35820	58369	32506	25552	40239
AT5G58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	2.16E-02	4.60	150	2	2	2	0h	24h	35139	45722	52487	17687	19735	16394	16656	27329	13248	30408	19356	4765	7186	12418	15924	25271	15841	16999	11448	7332	10590
AT5G08415.1	Radical SAM superfamily protein	4.68E-02	2.12	23	1	1	1	0h	24h	1961767	1540787	2360601	1769166	1011564	1385585	1430948	1037020	980467	1045081	809308	1345057	1902301	1627972	1361161	1993180	1568243	1393113	903088	447817	1415817
AT2G38540.1	LP1, LTP1, ATLTP1 - lipid transfer protein 1	4.93E-02	3.00	56	1	1	1	0h	24h	686437	385198	575553	250972	297584	184374	532500	246638	212417	347782	357136	204715	294344	359967	200575	280789	400140	176921	199731	207165	142174
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	8.32E-04	2.34	152	1	1	1	0h	24h	865855	1011268	1217869	869273	602870	894281	775512	529446	588329	870486	705320	989944	842316	816484	1098247	790257	705326	769239	469220	189472	444342
AT1G75430.1	BLH11 - BEL1-like homeodomain 11	7.13E-04	3.09	25	1	1	1	0h	24h	1766628	2985078	1367731	1526588	1526945	2333564	1716325	1178417	1383070	2399928	1783150	1780245	1914184	1199231	1618795	904273	836893	1070710	614014	462235	904609
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	5.74E-03	2.17	35	1	1	1	0h	24h	58937	75123	56397	47322	61984	63647	47919	39666	48726	54123	42753	35390	42914	19292	33813	21774	32848	39103	23202	27478	36940
AT4G05260.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	3.62E-02	2.18	63	1	1	1	0h	24h	AT4G05260.2	89048	62931	72400	72913	54715	59643	40210	58187	75972	68102	85787	63988	60869	67708	66616	25743	40274	53521	21245	48331	33344
AT3G68590.1	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	4.20E-02	2.38	53	1	1	1	0h	24h	238616	228782	213751	184366	145643	123497	160634	212485	156872	205495	220120	149013	132308	133828	137829	57879	194692	165512	98931	114803	72623
AT2G22990.1	SNG1, SCPL8 - sinapoylglucose 1	3.66E-04	2.18	21	1	1	1	0h	24h	59409	80663	69014	46708	47631	42749	52895	71053	49366	37043	43204	53510	53568	47401	45287	66531	58799	51354	35431	26738	33896
AT2G18220.1	Ankyrin repeat family protein	1.62E-02	3.20	23	1	1	1	0h	24h	61562	128172	84156	101107	72976	99841	51756	42510	63211	37856	37560	52892	50224	74987	98260	48634	47365	70340	17558	17560	51201
AT5G40100.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	1.90E-02	3.29	22	1	1	1	0h	24h	35644	28245	34094	28268	18508	14804	31989	21575	19261	19443	18839	27836	27880	35317	30131	43321	23662	20955	12153	2648	14967
AT3G15520.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	2.91E-03	2.03	33	1	1	1	0h	24h	18972	13035	16750	8941	8366	10528	12747	12401	11789	13604	13669	10862	16549	11709	13535	12664	12866	10000	10408	6236	7401
AT3G42160.1	Pectin lyase-like superfamily protein	1.03E-03	3.29	22	2	2	2	0h	24h	60251	70362	95480	67780	47183	55341	52594	37125	51279	31729	58611	41171	45461	24307	26688	25317	42532	40602	25732	19832	23085
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	3.12E-03	2.94	27	1	1	1	0h	24h	23233	21845	32261	23122	17871	28698	19169	19267	15102	29002	19162	20145	22174	10771	21715	22287	26838	14140	8900	9121	8320
AT3G50710.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	1.88E-02	2.44	21	1	1	1	0h	24h	17983	26921	22680	17896	11815	27856	18635	21830	17946	18915	18159	18647	19318	17560	22891	26003	16947	21285	8280	4674	14726
AT1G18650.1	PDCB3 - plasmodesmata callose-binding protein 3	1.25E-02	2.94	83	1	1	1	0h	24h	61430	54078	51814	47239	40883	78750	44968	39367	34146	50869	34750	57027	23494	20786	35080	18292	20207	40996	27512	6619	22872
AT5G60390.1	unknown protein	1.24E-02	2.86	30	1	1	1	0h	24h	37709	25559	43430	15674	13853	12883	26503	13025	25879	26144	26818	25907	21912	34823	35746	20560	23827	21388	11408	11686	14151
AT5G23820.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	4.08E-02	5.84	36	1	1	1	0h	24h	51469	70096	43075	53316	7519	80496	5048	26680	17733	18392	26089	35315	39366	31910	49511	36394	25916	50789	11593	8937	7674
AT5G16400.1	TRXZ, ATTZ - thioredoxin Z2	4.22E-03	2.58	94	1	1	1	0h	24h	13001	20092	22127	11217	15028	14007	15196	13287	12769	9289	10684	15861	10988	13374	13746	9325	12511	8443	8815	5265	7335
AT1G78890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	4.25E-02	20.77	37	1	1	1	0h	24h	57086	18038	36026	76020	37115	24624	69927	7770	27987	84892	57221	4909	69977	65256	51409	11264	0	35723	5857	7276	0	0
AT2G45180.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	7.31E-03	2.66	33	1	1	1	0h	24h	16140	15355	30954	17071	13129	19214	26057	15623	19999	20361	12427	20727	16323	16559	15854	17748	18396	23739	6672	5050	11723
AT3G04650.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	2.68E-04	9.88	27	1	1	1	0h	24h	44576	22691	14928	9082	20727	14055	9936	16582	17364	9711	12222	18760	11882	9223	14544	6692	10917	14539	1723	3194	3404
AT5G39790.1	5'-AMP-activated protein kinase-related	1.87E-02	2.26	23	1	1	1	0h	24h	32292	64848	50901	47000	39742	53437	40978	36918	53778	29450	46930	49465	35828	25823	32178	38926	40077	27041	14385	23693	27436
AT3G49680.1	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	3.85E-03	6.38	39	1	1	1	0h	24h	50255	25392	34470	39060	29915	24651	26921	16072	23588	25280	13664	27783	33371	13816	32015	4918	24475	19117	5607	4270	7384
AT5G49030.1	OVA2 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	1.42E-02	3.84	22	1	1	1	0h	24h	AT5G49030.3	32003	48384	30298	25450	27550	35680	15318	40673	27267	9019	19072	24409	10148	15301	19041	22937	16620	36495	8425	4347	16042
AT2G39810.1	HOS1 - ubiquitin protein ligase	1.88E-02	3.70	21	1	1	1	0h	24h	11067	33891	14979	22660	12564	16655	22445	24226	11020	11012	12077	20034	16334	8554	17458	10870	7556	13723	7280	3625	5297
AT1G74990.1	RING/U-box superfamily protein	2.10E-02	3.73	30	1	1	1	0h	24h	9184	8216	8873	5411	9477	8804	12588	9554	2799	11092	6042	7883	4326	6852	3548	4031	7018	5377	3361	1038	2636
AT1G15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	4.13E-02	2.03	49	1	1	1	0h	24h	5349	7714	9439	3287	5624	3132	6298	4867	4884	4260	4014	5351	4265	4140	7050	4992	4216	3603	4335	3823	2913
AT1G72220.1	EUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	2.01E-03	3.59	39	1	1	1	0h	24h	6464	5993	8128	6177	5580	5185	6814	5550	4533	3228	8079	4559	4169	4322	3398	4268	3522	2114	1115	2556
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	4.28E-03	2.20	179	3	3	3	0h	24h	174346	169329	142517	178394	160130	170827	198192	175410	179222	249043	156129	171183	215210	166827	196729	40058	125006	98526	116222	92010	97523
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	1.60E-05	2.70	446	4	4	4	0h	24h	3974300	3374993	2544632	3656173	4437295	3932517	4156738	4091305	3469098	4515969	4534292	3928482	4885859	4597475	4460123	1336839	1802737	2031707	3658291	2785100	3651793
AT3G26630.1	FBX12, ATELF5A-2, ELF5A-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	2.39E-02	2.09	49	1	1	1	0h	24h	282945	175201	198154	223389	182782	152327	267201	208629	193239	207456	132005	217388	264474	274752	223107	85340	146710	132013	227590	158221	257245
AT5G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-L-homocysteine (SAH) hydrolase 2	4.85E-02	5.26	132	2	2	2	0h	24h	AT4G13940.1	85757	47199	59820	76940	51408	70212	37621	114476	108570	88090	158202	134003	105331	107138	92583	28211	41863	17034	17659	15703	16836
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	1.34E-02	4.17	127	2	1	1	0h	24h	33804	15134	28118	45427	23892	48412	39982	32743	30782	58614	75473	36523	27887	42537	42705	7614	13197	20117	9113	34308	21103
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	4.82E-02	3.63	91	2	1	1	0h	24h	1311	2575	1252	2152	2263	2164	1625	3560	2780	2716	3889	1564	2357	1305	940	165	2041	44	1349	1874	656
AT2G40840.1	DPH2 - diphosphoinositol-pentakisphosphate kinase 2	4.85E-02	2.50	22	1	1	1	0h	24h	69231	53772	64292	78011	82442	75568	57658	37425	110187	68716	108512	115088	51918	56561	74696	50220	40663	54649	41795	55846	59763
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	4.72E-02	2.52	78	1	1	1	0h	24h	71115	73681	71454	58858	75494	61698	56443	74733	48844	74103	70928	80196	71952	61439	44748	7873	33333	48083	69790	70017	67020
AT1G29880.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	3.30E-02	9.22	48	1	1	1	0h	24h	25647	2208	16712	26329	28557	10422	66447	53310	45766	113522	84439	30361	33605	4907	4813	5457	9340	9977	82869	101604	110104
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	6.01E-03	2.51	130	1	1	1	0h	24h	183507	147751	200798	113774	115122	100685	182679	110247	318897	288554	160476	249195	135380	153642	138953	92268	90947	102518	119421	138861	104423
AT4G14880.1	OASA1, OLD3, CYTACS1 - O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A1	1.06E-03	2.50	73	1	1	1	0h	24h	20982	16928	20156	3059	14590	12717	28550	23082	34002	37675	26400	57962	58916	27565	4614	664	4493	10650	13888	32464	30004
AT4G33520.2	PAA1, HMA6 - P-type ATP-ase 1	3.06E-02	3.84	70	1	1	1	0h	24h	AT4G33520.3	12267	8621	18932	13370	16445	21594	20567	9018	9598	29289	15354	30342	20147	9116	19858	4410	5447	9680	10660	10409	20334
AT5G01480.1	CP38, ATCYP38 - cyclophilin 38	2.41E-02	Infinity	26	1	1	1	0h	24h	8141	1927	0	7787	1929	13995	7226	9701	18615	15964	1396	0	4795	0	0	0	0	0	1816	2200	0	0
AT5G10540.1	Zincin-like metalloproteases family protein	7.93E-03	2.22	22	1	1	1	0h	24h	11170	9719	10939	11558	7664	13920	10128	8470	8879	17993	11877	15928	14655	10746	9051	5870	8994	5777	11928	13653	12301
AT3G60750.1	Transketolase	7.73E-04	2.33	508	8	6	6	0h	24h	AT3G60750.2	1960634	1350069	1794876	1918615	1589707	1760677	1238581	2313585	3576539	3116474	2682853	1749401	2197642	1854231	1600560	1198774	1370283	1348759	1493123	1480039	1174097
AT1G65960.2	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	4.42E-02	4.66	444	6	2	2	0h	24h	AT1G65960.1	44359	41194	35112	55738	77373	50539	62247	83645	100745	75362	117025	44026	41720	49563	43748	25771	33377	43175	67190	70559	30332
AT2G44760.1	Domain of unknown function (DUF3598)	1.04E-04	2.63	220	3	3	3	0h	24h	185827	117199	135079	161870	175625	160872	242908	235470	243846	213039	154961	172241	114567	196724	111752	86106	89426	99571	82180	113323	88287
AT3G22300.1	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	3.16E-02	2.69	164	2	1	1	0h	24h	144497	216195	128741	189195	231399	185158	180430	286487	583284	290732	406797	164321	165066	121399	134714	90810	143837	156213	303595	283854	208673
AT3G19170.1	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	8.39E-03	2.70	36	1	1	1	0h	24h	96646	47095	70866	51216	100549	53970	81956	113128	115693	137474	95548	65866	70766	66805	78899	29866	42915	42411	29982	58155	51503
AT3G16910.1	AAE7, ACN1 - acyl-activating enzyme 7	2.93E-02	3.17	20	1	1	1	0h	24h	229179	185199	289828	19267	92351	60629	398285	219472	188673	150836	220851	68648	187831	138388	269388	75103	80862	98523	118479	53703	131778
AT3G16080.1	unknown protein	3.46E-02	2.16	55	1	1	1	0h	24h	143901	122231	140286	145620	120454	118988	161566	176821	141967	137553	134181	139039	136333	155658	103051	32581	111465	78537	144332	90062	108112
AT2G04700.1	ferredoxin thioredoxin reductase catalytic beta chain family protein	2.41E-02	2.46	26	1	1	1	0h	24h	57411	55894	56726	48684	48103	52230	50917	61271	143560	55054	43889	49316	39285	58535	47461	24648	42255	37187	41397	33720	30989
AT5G51320.1	Pectinacetylesterase repeat (PPR) superfamily protein	1.65E-02	9.65	25	1	1	1	0h	24h	297539	131272	98249	119470	212538	60240	44137	206830	1559394	586583	348394	275951	50081	125148	128150	79572	54008	99541	257563	53983	97754
AT5G56040.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1.88E-02	2.26	26	1	1	1	0h	24h	74157	36615	51161	85773	94564	77754	81968	105439	103305	79831	118436	68192	52964	47428	50271	19663	48807	60122	58156	53494	27152
AT5G43810.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	1.91E-02	2.05	57	1	1	1	0h	24h	63544	57676	49885	68297	108431	92678	76435	95896	97384	65488	49069	86486	88642	69718	66344	27600	65931	38101	67733	55764	72896
AT4G32880.1	Class II glutamine amidotransferase-like superfamily protein	6.90E-03	2.44	70	1	1	1	0h	24h	34560	25333	26888	28362	39771	27578	34509	31660	36033	29971	30175	29035	30893	25600	29456	6838	16467	18616	17953	28679	22692
AT5G64380.1	Inositol monophosphatase family protein	3.77E-03	4.62	53	1	1	1	0h	24h	28112	12432	17915	20890	30103	20352	64949	42182	46917	44214	37932	23049	11869	31572	24056	17422	5893	10037	51023	48922	24914
AT5G55310.1	TOP1BETA, TOP1 - DNA topoisomerase 1 beta	4.01E-02	2.64	20	1	1	1	0h	24h	85688	50842	76671	75793	80991	65136	101326	103455	328275	131672	162868	88005	162924	107592	141750	66581	81200	54499	125662	73541	82232
AT4G27550.1	HAB2 - homology to ABI2	3.98E-02	2.92	22	1	1	1	0h	24h	3842	4604	4566	2465	4077	4163	4914	5324	7140	3899	6146	3307	3366	4297	227	958	4017	975	5371	2905	2997
AT4G28281.1	unknown protein	2.68E-02	11.16	23	1	1	1	0h	24h	32029	25015	12847	23049	35879	18154	60073	41168	609577	65704	127117	52590	61643	93794	83557	25359	26129	12213	81642	48084	36613
AT5G61190.1	putative endonuclease or glycosyl hydrolase with C2H2-type zinc finger domain	2.35E-02	11.01	21	1	1	1	0h	24h	15750	4406	3868	9965	35643	7097	20594	13291	57196	11304	16249	6188	6586	8051	6275	952	3868	3452	14018	4063	9070
AT5G61390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	4.90E-02	5.78	26	1	1	1	0h	24h	22264	9271	16391	16171	24251	4103	36087	15359	65281	33095	32087	14072	4624	11441	12653	5857	6620	7356	14479	3989	10411
AT5G63160.1	Tyrosine transaminase family protein	3.64E-02	5.56	51	2	2	2	0h	24h	6574	11374	7668	15525	35775	6234	18469	27799	94440	22256	48522	25749	6848	14843	11811	4144	6003	15159	21503	9412	19681
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	1.03E-03	6.07	320	5	4	2	0h	24h	84307	69098	355258	53793	46133	36183	258796	227459	224374	333356	395625	388150	227259	207231	288210	152886	199601	58769	68315	97117	85081
AT4G00560.2	CA1 - carbonic anhydrase 1	5.16E-03	5.65	55	2	2	2	0h	24h	AT3G01500.1;ATGD1500.1	110591	164541	175212	601157	797275	620102	486995	285260	816076	262739	357090	138296	135271	124325	164014	135855	80536	140997	151878	249069	286976
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	4.92E-03	2.13	79	1	1	1	0h	24h	203159	411856	298976	549480	469063	630642	505801	460313	672576	531878	571562	495591	439950	286296	303977	196150	255210	321886	370128	574844	317316
AT3G22060.1	PRK - phosphoribulokinase	2.08E-02	2.04	65	2	2	2	0h	24h	712635	709257	562872	1080113	841189	460184	575971	695057	954468	766235	922570	605710	482443	364361	447725	418124	254531	491435	695352	621504	883655
AT1G71100.1	SOUL heme-binding family protein	1.64E-02	2.82	80	1	1	1	0h	24h	92375	74876	62723	102210	82400	80667	81889	69022	85667	64626	56257	59313	93735	72517	71210	7754	34704	51687	77203	90011	81021
AT5G10940.1	dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	1.18E-02	2.10	79	1	1	1	0h	24h	26227	13976	25156	27617	30664	29220	30587	20594	23444	21795	18059	23711	19218	23697	21921	14266	14161	11552	16748	12329	22157
AT1G48110.1	ECT7 - evolutionarily conserved C-terminal region 7	1.87E-02	2.50	43	1	1	1	0h	24h	29274	50467	29934	46514	63556	89085	48060	67151	48516	55598	88239	32233	40007	19152	24559	13447	30611	26539

Tabelle B6-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit mpkS DD

										Normalized abundance													
										0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max F change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Highest Time	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	8.02E-10	46.32	1065	18	10	24h	2h	24h	767496	525394	441799	424951	448457	431460	1210848	1399826	1481384	4071650	2832125	2899576	5850996	4698954
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	2.64E-09	23.00	354	5	5	24h	4h	24h	53152	61127	41266	53929	30248	40626	63748	93076	83351	89859	82431	127673	148977	191034
AT1G24190.1	SIN3, ATSIN3, SIN3 - SIN3-like 3	2.84E-09	33.48	20	1	1	24h	0h	24h	29517	14916	24648	12038	14876	9632	23552	36013	28750	48131	42146	46246	73286	102153
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	3.09E-09	47.24	315	5	5	24h	0h	24h	20903	23961	24007	27426	27346	22637	23770	24863	46436	35608	15850	49420	99942	81229
AT5G54500.1/AT5G54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	4.93E-09	9.89	403	8	2	24h	4h	4h	463970	482226	456623	478294	427202	484084	383319	384867	375193	460132	336159	541852	623813	739610
AT1G65370.1/AT1G60740.1	TPX2 - thioredoxin-dependent peroxidase 2	1.34E-08	16.94	673	11	8	24h	0h	0h	443816	464620	420402	438331	517900	565737	389282	523474	422789	1284536	708104	1037434	2012201	1483846
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	1.41E-08	4.99	512	9	9	24h	0h	4h	689443	652762	486085	640185	602171	659216	450748	548013	516864	593716	584920	514626	716955	632371
AT4G02520.1/AT2G02930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.52E-08	5.53	1045	17	15	24h	0h	24h	10937799	8132417	8861626	7505158	6530941	8565804	7113098	7104866	7092450	8803919	8258094	11616457	16015329	15040643
AT5G59050.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	1.76E-08	22.99	364	7	7	24h	0h	24h	41340	48817	49771	48855	41340	35754	53753	58045	49003	74460	72221	99961	133005	94788
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	1.76E-08	25.64	1249	16	9	24h	0h	24h	1120867	1112768	772555	726751	784879	1195445	941002	1125541	2101857	2888203	1896820	3164463	5617803	4408813
AT1G23730.1	ATBCA3, BCA3 - beta carbonic anhydrase 3	1.77E-08	26.86	575	9	5	24h	2h	2h	68081	55668	76330	57381	33041	53655	59858	47473	51989	67853	55416	64260	104597	85854
AT2G43590.1	Chitinase family protein	1.80E-08	32.43	714	10	9	24h	0h	24h	378081	283318	255278	291549	222228	190387	327559	337545	362044	414906	344687	300569	747608	646968
AT1G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.85E-08	11.04	451	9	6	24h	0h	24h	128504	98001	135107	117989	117421	112627	132662	131680	116486	144948	133232	235673	322430	331355
AT4G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	2.92E-08	7.07	497	8	8	24h	2h	2h	708824	730381	633459	627959	648087	744267	702018	778917	557137	1081478	818508	873649	1527509	1432488
AT2G24200.1/AT2G24200.3	Cytosol aminopeptidase family protein	3.60E-08	5.69	1651	21	13	24h	0h	2h	6698122	6716139	6217229	6565985	5995603	7530236	6686796	6713456	7169035	7600566	7117745	7222870	12580342	11318071
AT5G63810.1	RCF3 - Cytochrome P450 superfamily protein	4.84E-08	60.99	39	1	1	24h	0h	0h	8141	6891	6450	7590	11791	6622	11779	14225	21413	170857	61051	116354	204416	95154
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	5.99E-08	3.52	1125	15	13	24h	0h	0h	265674	288587	279356	378380	347831	355778	369446	362130	431181	504635	395836	476583	515162	588705
AT2G43570.1	CHI - chitinase, putative	9.06E-08	55.53	147	3	3	24h	0h	24h	10754	10100	5004	8080	4237	10388	10926	14542	10729	10539	7784	13890	8957	13274
AT5G04570.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	1.01E-07	4.15	843	11	6	24h	0h	0h	1367460	1092730	1381264	1248605	1463448	1488049	1598322	1675624	1534613	1929199	1524957	1652292	2281446	2218770
AT5G17380.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	1.19E-07	3.83	1298	19	13	24h	0h	4h	3989202	3685325	3715645	3512722	3205433	4288785	2910938	3968793	3519697	4262288	4294826	5360306	6934817	6538899
AT2G01250.1/AT2G01250.2	Ribosomal protein L30/L7 family protein	1.42E-07	5.51	266	6	4	24h	0h	0h	302926	351272	292786	334658	365059	271655	386214	259078	339414	515661	373904	494278	716570	570163
AT1G23130.1/AT1G21140.1	O-methyltransferase family protein	1.43E-07	6.95	850	14	3	24h	0h	4h	253039	178048	238348	298253	301097	204576	470210	367689	300285	508423	559261	882578	1620289	1222183
AT2G02010.1/AT2G02000.1/ATSG17330.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	1.96E-07	5.35	1276	21	15	24h	0h	0h	1459136	1304110	1328659	1510043	1466416	1379420	1582585	1925554	1594947	2653464	1729843	2385304	3254747	3413990
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	2.19E-07	10.40	1325	23	21	24h	0h	4h	1005395	1088421	1013151	1182627	1016357	1158000	1155444	1148728	2643176	1444471	1340744	1200720	2262341	1763297
AT5G14990.1/AT3G14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.25E-07	3.10	789	11	11	24h	0h	4h	1261945	1153704	999635	1037304	1027601	1287591	925911	967302	1007868	928814	891252	1085151	994141	1031669
AT5G59420.1/AT3G09300.1	ORP3C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 3C	3.04E-07	3.52	762	11	7	24h	0h	0h	161413	126148	106886	137827	132363	154695	174769	145224	204039	148364	133322	165393	184058	139226
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	3.09E-07	8.76	712	9	6	24h	0h	0h	739617	483959	721578	620148	477462	898861	617136	774190	851755	1407923	1107543	1713859	3191781	2099687
AT3G07700.1/AT2G37760.3	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.66E-07	7.58	261	7	6	24h	0h	0h	89335	112921	92484	111882	109727	145293	153022	118498	166571	220606	192867	142523	261735	280344
AT2G29350.1	SAG13 - senescence-associated gene 13	4.06E-07	36.17	203	3	3	24h	0h	4h	16947	19102	4377	15496	15333	13880	11184	16577	21595	36247	13136	39811	63228	96887
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	4.08E-07	7.58	658	12	4	24h	0h	4h	164142	127397	203726	177042	185147	192240	148214	157760	147511	136654	147672	221633	210256	174459
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	4.08E-07	6.06	454	9	9	24h	0h	0h	124315	181472	146757	180866	201103	253273	169060	240666	202269	212365	198409	230282	341898	346010
AT5G12030.1	GRAM domain family protein	4.80E-07	5.30	87	2	1	24h	0h	2h	26150	15308	24613	9819	12097	6907	19597	18151	19444	13311	10600	13143	22837	20807
AT3G22060.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	4.85E-07	14.21	177	4	4	24h	0h	2h	56202	23399	29469	38118	25237	20289	53386	74536	62691	116202	57462	107843	108177	134736
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	2.19E-07	4.22	1479	22	17	24h	0h	4h	2191354	1828633	2126933	2018896	2029014	2293723	1917014	2094380	2097185	2406150	2249225	2245613	2582615	2685347
AT5G05730.1/AT2G29690.1/ATG5587O.1/ATG	ASA1, TRP1, ASA1M1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	5.24E-07	9.18	730	14	13	24h	0h	2h	345824	328470	243732	264128	257389	288875	334756	329374	387311	416465	405330	437536	806002	680444
AT4G35630.1/AT2G17630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	6.72E-07	3.46	369	7	5	24h	0h	4h	505628	470535	456573	467225	366914	588818	427974	442292	394759	450064	369181	485908	705282	651962
AT3G01830.1	Calcium-binding EF-hand family protein	6.80E-07	Infinity	52	1	1	24h	0h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT5G15356.1/ATG5308.1	Legume-lectin family protein	7.03E-07	7.56	688	11	8	24h	0h	2h	1126888	698588	667689	609497	558139	777365	701925	747869	836717	1041927	675386	1465187	2552170	1975661
AT2G45220.1/AT4G02300.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	8.04E-07	23.70	502	7	7	24h	0h	2h	57164	24182	18957	20105	23096	14602	62769	24739	43758	39801	27194	17620	27342	21270
AT4G29060.1/AT4G29060.2	emb2730 - elongation factor Ts family protein	8.16E-07	1.76	2543	42	42	0h	24h	24h	19915612	18464138	21780589	18793010	17610468	19714843	18639038	19240972	18039727	18859319	17031128	18083642	17515611	16409453
AT4G28810.1/AT4G28810.2	RAD-binding protein family protein	8.56E-07	6.74	476	9	9	24h	2h	2h	148134	139535	164527	124010	113276	134475	143797	141597	112035	240199	152565	149949	165410	66793
AT4G12720.1/AT4G12720.4	AtNUDT7, GFG1, NUDT7, ATNUDX7 - MutT/nudix family protein	8.68E-07	3.56	292	3	3	24h	0h	0h	151493	187038	144050	170568	163083	172404	236321	175423	218674	229336	204075	171583	212728	219504
AT3G09840.1/AT3G53230.1/ATSG03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.08E-06	3.04	1553	27	26	24h	0h	0h	3709185	3477118	3678278	4139129	3495075	3912239	4074180	3836929	4230178	4537527	3481890	4644316	5383049	4568377
AT5G56350.1/AT4G26390.1	Pyruvate kinase family protein	1.54E-06	3.53	452	7	6	24h	0h	0h	309102	278938	344854	391036	406807	365937	354564	412722	430353	512165	388605	509823	494754	314424
AT2G14610.1	PR1, PR 1, ATPR1 - pathogenesis-related gene 1	1.74E-06	22.09	205	5	4	24h	0h	24h	78130	80068	68876	70766	86764	82747	80446	64411	67042	67078	70366	90386	98544	65697
AT3G01670.1	ACO2 - aconitase 2	1.80E-06	2.25	24	1	1	24h	4h	24h	10685390	12561765	11120624	9380012	10654546	10749864	11540652	11344655	12302301	9872041	11210856	11246822	9090928	10887320
AT1G65980.1/AT1G65980.2	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	1.83E-06	3.15	228	4	2	24h	0h	4h	1538278	1613508	1740103	1517349	1686007	1630384	1826304	1850693	1559113	2035333	1521308	2034009	2149752	1878132
AT1G23160.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	2.16E-06	2.03	651	14	10	24h	0h	4h	488352	468762	487119	572346	544474	594695	537582	517382	494744	535258	517182	607435	711633	707406
AT5G42790.1/ATG47250.1	PAF1, ATPSH3D, AtSS - proteasome alpha subunit F1	2.57E-06	1.96	324	6	4	24h	0h	4h	1283623	1274435	1173486	1115818	1298085	1351147	1578748	1191043	1328581	1106005	1284939	1229288	1198931	1361365
AT1G65980.1/AT1G65980.2	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	1.83E-06	3.15	228	4	2	24h	0h	4h	1538278	1613508	1740103	1517349	1686007	1630384	1826304	1850693	1559113	2035333	1521308	2034009	2149752	1878132
AT3G22360.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	2.16E-06	2.03	651	14	10	24h	0h	4h	488352	468762	487119	572346	544474	594695	537582	517382	494744	535258	517182	607435	711633	707406
AT4G15400.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.13E-06	11.81	321	6	3	24h	0h	2h	8098	5895	7133	11200	8858	8121	7829	15862	19771	7878	14139	13390	20451	18073
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	5.33E-06	2.68	308	4	4	24h	0h	4h	52969	66114	63768	80330	66097	73148	59324	69747	56382	109044	65595	80886	70499	65760
AT2G27760.1/AT3G27740.2	CAN4 - carbonyl cyanide hydratase 4	5.33E-06	2.03	255	6	4	24h	0h	4h	607831	605646	586040	688859	632176	569319	576912	508558	647402	457543	591367	534439	594219	635313
AT2G06860.1	MFP2, ATMFP2 - multifunctional protein 2	6.71E-06	3.77	230	5	4	24h	0h	4h	82662	69272	64473	67352	76083	101697	52272	65751	52052	46281	59185	78968	81197	94904
AT3G51160.1/AT5G66280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.81E-06	2.83	219	3	3	24h	0h	4h	285940	246426	276565	256845	257293	248908	327081	361740	254658	382291	268875	405787	585240	522907
AT4G34890.1	ATMP2, ATMAPR1, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	6.96E-06	20.23	62	1	1	24h	0h	4h	42652	39102	39479	41277	39670	40560	40561	58824	39198	66177	52918	64722	93841	87662
AT1G07920.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	8.12E-06	9.94	186	2	2	24h	0h	4h	2245631	145174	113556	89683	85053	123050	91000	93000	154173	127605	84535	116853	164379	222584
AT5G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	8.57E-06	2.29	1383	22	15	24h	0h	4h	950969	918273	948690	944708	917677	1065352	1074964	1048808	1357646	1095154	998802	1074453	1245343	1079807
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.07E-05	14.44	104	2	2	24h	2h	4h	15094	12749	19976	13779	12738	7404	12414	7068	14476	31770	7510	32312	54664	52873
AT4G56780.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736:	1.16E-05	Infinity	23	0	0	24h	0h	0h	0	0	0	0	0	0	1287	0	0	0	0	0	0	0
AT4G30530.1/AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.17E-05	4.33	634	13	13	24h	0h	4h	669330	662070	788497	737762	505899	1221464	804544	829990	793305	1155181	932544	1066999	1805120	1378701
AT5G57220.1	UBP6, ATUBP6 - ubiquitin-specific protease 6	1.20E-05	2.52	95	3	3	24h	0h	4h	55722	44612	47396	62020	55852	60007	54795	50438	65536	50389	53934	62798	32133	53586
AT4G16250.1	HMT-2, ATHMT-2, HMT2 - homocysteine methyltransferase 2	1.48E-05	8.05	25	1	1	24h	4h	4h	25929	3146	11838	12074	14036	22204	11386	9457	11252	25598	23571	23521	49301	33033
AT4G27850.1/AT4G35300.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	1.42E-05	3.63	350	9	6	24h	0h	4h	132665	122589	173442	307665	244459	200009	276484	213470	203640	434559	319789	291538	361003	335305
AT4G27410.1	SOT16, ATSOT16, COR-7, ATST5A - sulfotransferase 16	1.48E-05	5.01	216	4	2	24h	0h	4h	40259	40565	86615	57922	48958	50666	54502	96270	58250	98677	85105	99269	123164	125466
AT5G08330.1	ATMC7 - methionine aminotic acyclohydrolase 7	1.48E-05	11.67	198	5	4	24h	0h	4h	20528	17233	13298	14514	14401	25442	27433	19580	54690	93604	35725	62797	157224	96458
AT4G21580.1/AT4G21580.2/ATG21580.3	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	1.50E-05	2.67	391	7	7	24h	0h	4h	382877	401160	342153	336294	384672	457192	311034	348685	324723	354668	281059	417117	462479	483606
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.07E-05	14.44	104	2	2	24h	2h	4h	15094	12749	19976	13779	12738	7404	12414	7068	14476	31770	7510	32312	54664	52873
AT4G54000.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.13E-06	11.81	321	6	3	24h	0h	2h	8098	5895	7133	11200	8858	8121	7829	15862	19771	7878	14139	13390	20451	18073
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	5.33E-06	2.68	308	4	4	24h	0h	4h	52969	66114	63768	80330	66097	73148	59324	69747	56382	109044	65595	80886	70499	65760
AT2G27760.1/AT3G27740.2	CAN4 - carbonyl cyanide hydratase 4	5.33E-06	2.03	255	6	4	24h	0h	4h	607831	605646	586040	688859	632176	569319	576912	508558	647402	457543	591367	534439	594219	635313
AT3G06860.1	MFP2, ATMFP2 - multifunctional protein 2	6.71E-06	3.77	230	5	4	24h	4h	4h	82662	69272	64473	67352	76083	101697	52272	65751	52052	46281	59185	78968	81197	94904
AT3G51160.1/AT5G66280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.81E-06	2.83	219	3	3	24h	0h	4h	285940	246426	276565	256845	257293	248908	327081	361740	254658	382291	268875	405787	585240	522907
AT4G34890.1	ATMP2, ATMAPR1, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	6.96E-06	20.23	62	1	1	24h	0h	4h	42652	39102	39479	41277	39670	40560	40561	58824	39198	66177	52918	64722	93841	87662
AT1G07920.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	8.12E-06	9.94	186	2	2	24h	0h	4h	2245631	145174	113556	89683	85053	123050	91000	93000	154173	127605	84535	116853	164379	222584
AT5G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	8.57E-06	2.29	1383	22	15	24h	0h	4h	950969	918273	948690	944708	917677	1065352	1074964	1048808	1357646	1095154	998802	1074453	1245343	1079807
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.07E-05	14.44	104	2	2	24h	2h	4h	15094	12749	19976	13779	12738	7404	12414	7068	14476	31770	7510	32312	54664	52873
AT4G56780.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736:	1.16E-05	Infinity	23	0	0	24h	0h	0h	0	0	0	0	0	0	1287	0	0	0	0	0	0	0
AT4G30530.1/AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.17E-05	4.33	634	13	13	24h	0h	4h	669330	662070	788497	737762	505899	1221464	804544	829990	793305	1155181	932544	1066999	1805120	1378701
AT5G57220.1	UBP6, ATUBP6 - ubiquitin-specific protease 6	1.20E-05	2.52	95	3	3	24h	0h	4h	55722	44612	47396	62020	55852	60007	54795	50438	65536	50389	53934	62798	32133	53586
AT4G16250.1	HMT-2, ATHMT-2, HMT2 - homocysteine methyltransferase 2	1.48E-05	8.05	25	1	1	24h	4h	4h	25929	3146	11838	12074	14036	22204	11386	9457	11252	25598	23571	23521	49301	33033
AT4G27850.1/AT4G35300.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	1.42E-05	3.63	350	9	6	24h	0h	4h	132665	122589	173442	307665	244459	200009	276484	213470	203640	434559	319789	291538	361003	335305
AT4G27410.1	SOT16, ATSOT16, COR-7, ATST5A - sulfotransferase 16	1.48E-05	5.01	216	4	2	24h	0h	4h	40259	40565	86615	57922	48958	50666	54502	96270	58250	98677	85105	99269	123164	125466
AT5G08330.1	ATMC7 - methionine aminotic acyclohydrolase 7	1.48E-05	11.67	198	5	4	24h	0h	4h	20528	17233	13298	14514	14401	25442	27433	19580	54690	93604	35725	62797	157224	96458
AT4G21580.1/AT4G21580.2/ATG21580.3	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	1.50E-05	2.67	391	7	7	24h	0h	4h	382877	401160	342153	336294	384672	457192	311034	348685	324723	354668	281059	417117	462479	483606
AT4G37600.1	ATGSTU1, GLN1;3, GSH 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	1.55E-05	3.02	1425	19	4	24h	0h	4h	424322	490702	522193	403806	390901	585336	494409	572762	492405	521166	521963	645740	805127	894139
AT5G49310.1/AT4G45000.1	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	1.67E-05	2.72	345	4	4	24h	0h	4h	139916	121531	121559	122355	182872	212305	206235	227252	277347	240205	207553	210161	199335	219008
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	1.61E-05	4.91	65	1	1	24h	0h	4h	18850	21049	22315	20988	16258	18848	10498	11986	14622	24221	24240	17371	30226	21965
AT4G05010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	1.65E-05	2.91	682	11	8	24h	0h	4h	1612083	1180753	1475938	1492503	1196530	1700202	1659494	1548539	1278339	3000935	1641338	2560854	3834276	3068321
AT5G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	1.70E-05	1.68	1263	20	20	24h	0h	4h	17980407	19191606	17365859	18598121	18444930	19116768	19608507	18278552	17612642	16889707	19474295	16928813	17636880	16651506
ATG004901.1/ATG07732.1/ATMG00280.1	RBCL4 - ribulose-bisphosphate carboxylase small chain 1A	1.71E-05	1.72	3938	52	52	24h	0h	4h	3744889472	3810199	3657424353	3575272671	3213552473	4636564435	3719459157	3749316164	3194606557	3705508888	3520528257	3352473885	3535894669	3519779959
AT2G30110.1/ATG00640.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	2.04E-05	2.46	858	14	14	24h	0h	4h	6526888	4446605	5735572	6537130	582700	587505	643946	635901	834625	734052	645113	637890	690559	683424
AT3G21120.1/AT3G21110.3	O-methyltransferase family protein	2.10E-05	15.38	623	13	3	24h	0h	4h	21576	17033	10817	11201	7974	31551	65214	76155	51338	239903	55042	160152	267226	310565
AT1G22220.1/AT1G16610.1	ATMKK5, MKK5, APH4, MAPCK_A, MKK5_A, MKK5, ATMEKK5, MEK5 - MAP kinase kinase 5	2.10E-05	4.90	150	3	3	24h	0h	4h	165465	143974	223498	229478	195225	141932	137013	224354	203804	372851	206966	316154	439948	277419
AT1G07160.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	2.30E-05	1.70	1571	19	19	2h	24h	24h	2090800	2950828?	31683130	29696461	27209428	35619924	29296202	28313179	28057433	28474307	30395232	28814490	30823005	27007669
AT3G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	2.46E-05	2.66	1242	16	15	24h	0h	4h	1467023	1118625	1522429	1351992	1224468	2003578	1357937	1672992	1661566	1775359	1689043	2162698	2255302	2400191
AT1G29901.1	CARB - carbamoyl-phosphate synthase A	2.52E-05	1.78	861	20	20	24h	0h	4h	1664483	1743356	1687790	1978114	1645139	2104202	1940042	1791943	1703371	1735130	1789466	1681605	1941320	1780671
AT2G17420.1	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	2.67E-05	2.27	212	4	4	24h	0h	4h	175173	263059	221470	236126	197321	242272	212780	263789	196461	201450	201340	226579	281097	240128
AT4G05530.1	RPT5A, AT5A5A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	2.68E-05	2.08	240	7	6	24h	0h	4h	174509	163928	158071	209906	183388	245318	200752	173045	173176	226302	187193	240248	224880	197246
AT5G58760.1	RBCSA - ribulose-bisphosphate carboxylase small chain 1A	2.78E-05	1.67	2116	19	12	24h	0h	4h	321544848	318242858

AT1G78630.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	2.22E-02	1.56	577	7	7	0h	4h	3193953	2146627	1921000	1733520	1498407	1668308	1742519	1495082	1430612	1954023	1547859	1674656	2190315	1815264	1687847	2203000	2369126	1959461	2163291	2337801	1828347
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	2.23E-02	3.39	53	1	1	0h	4h	8373	35835	18589	17692	21834	16770	5375	6599	15663	21886	26026	26969	19860	15903	24174	40077	28850	24763	21572	32327	21834
AT5G14590.1	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase family protein	2.23E-02	1.50	520	11	7	4h	8h	230469	196104	242709	203717	206864	224433	254421	246032	262657	219725	243001	189931	151199	211926	144634	158392	177256	189442	258026	200114	175666
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	2.24E-02	1.58	185	3	3	10h	24h	135057	133666	102079	140610	96914	149687	108422	117103	80368	112057	92230	108120	85382	89277	101430	122270	136482	134817	67142	99717	82457
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	2.25E-02	1.48	426	11	11	2h	8h	410458	385417	278718	437621	417362	432610	410561	351589	286896	345417	384056	313800	323289	279368	267492	299977	302179	275770	352689	319805	307277
AT3G03490.1	PEX19-1, AtPEX19-1 - peroxin 19-1	2.25E-02	3.76	50	1	1	0h	4h	2413	7149	6307	3819	9194	8180	9404	5949	3217	12448	10155	9914	12400	8864	8531	6229	12257	14611	16321	29233	14148
AT5G52560.1	ATUSP, USP - UDP-sugar pyrophosphorylase	2.28E-02	2.29	145	3	3	4h	0h	86996	76699	84233	136122	133181	132594	141191	111618	316171	129149	164923	125592	131699	103950	119576	134828	128681	116633	150799	212041	168510
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	2.28E-02	2.07	652	8	4	6h	0h	494028	666057	831540	956737	1005488	1285534	1085851	1075198	1365893	1300608	1530020	1295058	1441647	1001674	1070779	609582	1187363	1145144	1105487	1114167	834156
AT2G02095.1	unknown protein	2.28E-02	1.45	98	2	2	6h	0h	48034	59951	48196	58713	52378	59223	48897	53773	44715	41391	38135	37811	47950	41979	47947	43648	43275	39911	51581	47274	35240
AT3G21750.1	UGT71B1 - UDP-glucosyl transferase 71B1	2.29E-02	3.45	87	1	1	0h	4h	1827	10787	7537	4053	8731	6928	2767	4178	4930	0	5888	4125	7998	8169	5791	5393	7174	1119	5145	5449	
AT3G52990.1;AT3G52990.2	Pyruvate kinase family protein	2.29E-02	1.65	638	12	4	2h	0h	582057	551742	653815	834919	676442	841342	569544	726941	713756	779759	726605	726872	833671	767046	687023	1036626	803730	589974	973320	1076745	897045
AT5G18950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.31E-02	2.97	22	1	1	2h	2h	2432	41878	39527	18361	27453	10724	8405	28743	24714	11242	44825	67285	34526	59553	72819	38243	48810	41597	54951	71562	
AT1G72550.1;AT1G72550.2	tRNA synthetase beta subunit family protein	2.32E-02	1.63	87	2	2	2h	0h	121074	84182	96876	125218	95416	120744	75475	108718	123882	108434	91213	83868	132082	124280	128935	121384	129143	94729	147827	147805	166028
AT3G27310.1	PUX1 - plant UBX domain-containing protein 1	2.33E-02	1.99	53	1	1	6h	0h	47936	44642	31402	59321	64150	78058	65744	53052	60406	36963	50244	44748	62301	60713	76408	35833	82905	61184	64574	99043	83102
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.35E-02	1.53	478	8	8	0h	4h	348358	359162	325437	460909	473726	404576	510872	397842	592642	637698	493217	445061	455924	444891	362090	426890	462761	408821	516912	453320	470778
AT3G24770.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.35E-02	1.49	1863	25	3	10h	0h	605217	576069	507226	771499	558256	690223	570284	615888	515215	613780	709812	629343	541930	535999	457205	942255	770063	687002	648810	698629	462969
AT3G16270.1	ENTH/VHS family protein	2.36E-02	3.70	26	1	1	2h	4h	5079	501	4068	3307	2993	3408	3101	2894	5515	3528	3863	2674	3600	4585	3348	10731	12368	7252	10201	13959	10723
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	2.37E-02	1.59	91	1	1	4h	0h	135743	166314	121167	115826	165760	154645	99633	149340	122359	147602	102185	128622	156641	163618	154025	154721	163199	159554	185382	225128	178695
AT5G23130.1	Peptidoglycan-binding LysM domain-containing protein	2.38E-02	1.48	23	1	1	2h	4h	107953	115416	97504	104939	115982	133917	92251	110818	99279	106771	100727	100084	111118	97254	102289	142340	84981	101147	138087	161062	147760
AT4G15520.1	PDR12, ATPDR12, ABCG40, ATABCG40 - plasmodesmal cell wall/cell membrane-localized protein; plasmodesmal pro	2.41E-02	19.16	60	1	1	2h	2h	1746	4592	833	852	314	1322	797	1019	13655	1978	3214	1778	1504	3304	2052	7479	1239	1466	19784	14041	13852
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	2.43E-02	2.15	651	10	9	0h	4h	3345803	3398439	5428194	2118117	3248657	2604718	2354933	2866145	2957912	2815668	2226871	3143044	2796165	2549582	3808860	2509900	2199920	2919046	1847193	1450078	2366817
AT5G61590.1	putative endonuclease or glycosyl hydrolase with C2H2-type zinc finger domain	2.45E-02	8.13	21	1	1	4h	0h	15655	4272	3859	9967	15649	7090	6570	13227	13227	11241	16233	5863	6570	7993	4985	950	3840	3449	14012	4041	9060
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	2.45E-02	1.86	295	4	4	2h	2h	292015	518038	275607	332644	385967	383056	268361	221388	305579	331408	306028	206812	213831	152388	251769	225357	254763	285719	154186	196022	242496
AT4G20030.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	2.46E-02	1.54	349	6	5	10h	4h	1117653	785482	731062	674154	586125	612705	745927	494700	543480	858796	656270	574455	842918	793065	705275	842286	988892	913199	790644	800685	738437
AT2G18140.1	PSRP4 - plastid-specific ribosomal protein 4	2.47E-02	1.90	36	1	1	2h	0h	181057	140920	145302	111709	81307	49380	118997	90830	85214	122562	104914	79809	116146	93724	131281	134033	174664	128815	96950	111391	109338
AT5G09660.2;AT5G09660.1;ATS	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	2.49E-02	1.22	1653	21	19	2h	0h	46820636	46960195	49874625	48942263	48046769	56264795	40026750	42864095	42852584	43656903	42855054	52901538	48867508	44986982	47860083	46719982	39255306	42915214	44927784	45398973	44568422
AT3G17810.1	PYD1 - pyrimidine 1	2.51E-02	1.59	158	3	3	2h	4h	380041	402933	272840	214080	277460	334541	184233	290781	237924	224718	237580	262709	271974	316547	249501	285144	265458	302840	358067	430818	344547
AT4G24470.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PC) domain	2.51E-02	1.76	396	6	6	0h	4h	451843	535563	347995	507511	530136	484628	504299	513420	767299	534986	532115	564061	538912	496312	547601	503019	720596	645795	794839	947914	608018
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	2.54E-02	1.38	330	7	6	2h	2h	559649	439150	489262	507979	465684	434115	583454	562744	482901	588792	465871	535045	554187	579327	524292	529525	602997	532299	580917	709137	657699
AT4G28000.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.55E-02	3.77	21	1	1	0h	4h	7274	5401	9707	10153	6579	6756	4343	4353	4559	8335	4769	9129	10637	5381	10113	9154	10504	12069	6882	22683	18164
AT5G06700.1;ATSG36700.3;ATSG47760.1	ATPGLP1, PGLP1 - 2-phosphoglycolate phosphatase 1	2.57E-02	1.40	1109	15	15	2h	2h	15005160	12763245	17505544	15766100	16696294	19372017	15025999	14778855	19314360	13950130	14813315	16061547	15750792	14652409	15203126	16140420	13199424	15699285	14077035	19004646	15715169
AT4G31570.1	unknown protein	2.58E-02	1.80	52	2	2	2h	0h	36631	53888	63010	96261	75503	105226	42952	65047	68401	46825	59519	68535	70543	72119	74459	88779	60631	76651	79100	66385	90094
AT3G02730.1	TRXF1, ATF1 - thioredoxin F-type 1	2.60E-02	1.41	244	4	3	2h	2h	1461875	1545316	1244264	1526191	1233592	1628140	1448420	1346243	1160277	1396864	1363626	1453458	1402253	1212581	1432136	1174901	1277584	1251664	918791	953217	1241762
AT1G28281.1	unknown protein	2.64E-02	11.20	23	1	1	4h	0h	13982	25008	12819	23055	35885	18137	60298	41280	61070	65918	127195	52590	61500	93766	83524	25307	26039	12202	81727	47825	36573
AT4G34860.1	Plant neutral invertase family protein	2.65E-02	2.40	22	1	1	2h	2h	84007	84860	89765	85073	42292	80473	103403	74426	68463	115414	98393	77008	78066	136457	86294	99000	105405	73664	167353	108734	152525
AT1G76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	2.65E-02	1.33	158	3	3	0h	4h	126492891	110941006	9620583	10065887	10016311	12394857	9498716	10361959	9657711	9208146	9873215	10486006	9450729	8669561	8893095	9829436	8364629	9162797	8230768	7455615	9419698
AT1G28350.1;AT2G33840.1	Nucleotidylyl transferase superfamily protein	2.66E-02	3.67	53	2	2	2h	4h	18451	22319	19796	16106	30138	21744	29798	28598	28787	39575	39680	14906	26935	32290	14728	13901	34997	30107	51317	116199	54756
AT5G13330.1	PAD20 - proteasome subunit beta type 2D0	2.66E-02	4.64	197	4	3	2h	2h	5841	18346	13695	10981	17016	5123	17391	14036	18981	82213	27602	39348	20758	20286	22990	18218	13021	26642	23006	44625	51212
AT1G17860.1	Kunitz family trypsin and protease inhibitor protein	2.67E-02	1.74	165	3	2	0h	4h	143820	118384	135404	98250	108183	154077	97398	130592	103060	133986	119356	104157	133610	172099	90754	200068	209315	160084	142782	246935	186428
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	2.70E-02	1.71	121	2	2	2h	4h	245431	228416	335440	216270	287279	329710	270046	282124	198858	238580	201526	258062	235801	190689	246612	202846	208824	255564	184526	151141	150652
AT5G61310.1	biotin/lipoyl attachment domain-containing protein	2.72E-02	1.61	119	1	1	2h	0h	40031	44901	40734	26425	28622	26736	41004	34563	35840	30874	31026	27754	36907	38812	26867	38211	41735	22439	32359	26423	26258
AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	2.75E-02	1.44	271	4	4	2h	4h	311760	318521	337515	450216	309503	272780	472968	531786	382129	454398	423252	394628	427567	463682	441922	507117	332177	403262	318864	334893	306261
AT5G03590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	2.76E-02	1.68	477	10	2	2h	4h	241061	309083	252590	221342	220387	343956	259733	231363	227371	217932	190014	231687	215521	230818	233374	311361	292100	198370	341757	402791	329507
AT2G37130.1;AT2G47220.1	RP1D, PSP - proteasome subunit RP1 beta-type	2.78E-02	1.38	664	12	12	2h	4h	1078364	1056130	868355	982559	841894	1058343	861937	969309	855858	965149	748036	940792	841381	837169	896017	1075500	912296	817859	744604	753126	713326
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	2.79E-02	1.68	361	8	6	0h	4h	408877	310369	305639	407354	300594	406738	415580	409010	355122	406968	298468	344588	451494	321222	345930	458220	454376	398207	436203	720994	565133
AT4G25100.1	FSD1, CuZn-SOD, SAG15 - Cip ATPase	2.84E-02	12.41	536	9	6	2h	4h	31186	21931	24614	35361	23604	31419	23877	43007	807714	119251	57713	57952	98889	43233	86543	405472	251772	92923	379290	455587	129724
AT1G01410.1	PNZ20 - proteasome subunit beta type 2D0	2.85E-02	1.87	159	3	3	2h	2h	148917	139385	149468	161278	154133	201993	131935	138732	136475	147396	110922	123699	130149	127297	125869	159840	122438	97097	186139	206283	
AT3G20830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	2.85E-02	1.59	623	10	10	0h	4h	5136078	3588532	2889574	2640964	2262885	2572103	2648370	2374178	2275456	3163131	2790060	2278767	3420483	2879368	2239265	3710603	4103239	3454337	3279520	3755908	2860000
AT2G46280.1;AT2G46290.1	TRIP-1, TIF3I - TGF-beta receptor interacting protein 1	2.86E-02	1.36	75	2	2	2h	2h	88102	68534	96933	72107	71674	62361	76291	64979	71146	61403	67134	81729	76204	64341	68168	99954	97664	71049	92201	96236	92822
AT3G11400.1;ATG11400.2	EIF3G1, ATEIF3G1 - eukaryotic translation initiation factor 3G1	2.87E-02	3.54	68	1	1	2h	4h	13114	16350	15686	6802	9634	8479	2194	10485	7836	6076	1701	7922	11678	3380	3879	15837	10140	11083	15896	20834	18828
AT5G61810.1	DELTA-COAT - protein amino-acid O-acetyltransferase	2.87E-02	17.31	77	2	2	2h	4h	6691	2171	1147	2678	1273	8398	76	3816	2377	3357	1043	2720	5588	1322	8652	1817	529	9449	6256	31466	27733
AT3G15790.1;AT3G42480.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	2.90E-02	1.54	212	4	4	4h	8h	197219	209220	192078	222478	246932	210266	242469	228315	308639	208397	199733	195256	186344	155958	164010	237148	172813	195147	216984	143218	201569
AT2G29700.1	ATPH1, PH1 - pleckstrin homologue 1	2.92E-02	4.00	60	1	1	0h	4h	5441	39185	37423	13551	11891	24877	7418	22851	18312	0	0	37823	18382	10874	15372	59273	20430	44490	24511	80516	46360
AT1T72515.1	PATL1 - Sec1-like family	2.94E-02	1.91	962	16	13	2h	2h	1422404	1182478	1156447	1251880	1028085	1300668	956899	1475801	1374568	1018085	1466133	1082737	933014	1164136	827241	1161244	856415	509508	773926	906533	
AT3G01120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	2.95E-02	1.76	1236	20	18	0h	4h	32041498	27897635	36756693	20881359	29981713	25580853	21630710	31966905	26701802	22705355	19660007	24581320	26178816	20256951	21634500	19733152	22955574	15430381	17092263		
AT4G15310.1	ATPPC1, PEPC1, ATPEPC1, PPC1 - phosphoenolpyruvate carboxylase 1	2.95E-02	1.65	1163	24	5	2h	4h	595344	453013	473417	626399	491078	604179	533996	613257	704188	488980	514687	394327	582278	581878	545476	773452	607942	452048	789931	830796	689198
AT4G38460.1	GGH - geranylgeranyl reductase	2.95E-02	1.88	101	3	3	2h	4h	158990	175456	215548	288694	266408	162246	212530	245402	218972	198637	201169	222853	198005	200357	211900	257300	209647	176250	139300	85987	160709
AT5G44800.1	CHIM, PKR1	2.99E-02	1.85	21	1	1	2h	0h	951	805	1457	1448	909	772	2227	1865	1684	1726	1336	1010	1619	1228	1444	2292	1777	1341	1832	1431	1904
AT4G04710.1	CPK22 - calcium-dependent protein kinase 22	2.99E-02	13.07	25	1	1	0h	4h	1641	15622	1135	1456	7557	24688	1194	16162	7952	5471	18023	688	2578	0	0	1256	4038	5131	2229	23590	2344
AT2G38230.1;AT2G38210.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	3.01E-02	1.88	839	13	9	2h	4h	1588130	1693289	2069663	2458780	2413875	2274553	2535140	2104462	5197553	2541549	2722198	2577976	2753319	2437449	2882086	2039491	2321301	2176656	2018816	2013469	2155124
AT4G35680.1	Ribosomal protein L21	3.02E-02	1.88	378	5	5	0h	4h	1431684	1273011	980928	850929	641324	797363	735674	630217	592741	968067	703792	636389	972787	659260	745861	753061	1159758	1145575	805720	1310172	856298
AT3G09260.1	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LEB - Glycosyl hydrolase superfamily protein	3.04E-02	22.68	43	1	1	0h	4h	13627	8050	13074	1246	3383	22930	1463	0	69	2056	2193	19037	5060	19424	3281	2020	5975	8907	1020	19564	5503
AT5G12800.1	SDRB, DECR - short-chain dehydrogenase/reductase B	3.04E-02	2.05	78	2	2	2h	4h	106670	90322	81316	91847	79990	92215	65744	83629	43935	60930	85568	82385	90665	92024	81716	155840	92474	103917	85768	144853	165221
AT2G26670.1;AT1G69720.2;AT2G26670.2	HY1, ATHO1, HO3, TED4, GUN2, HY6 - Plant haem oxygenase (decyclizing) family protein	3.07E-02	2.31	154	4	2	0h	4h	94533	91544	97752	71521	52660	57377	42998	45117	34957	45841	28173	80385	63922	45933	83658	51085	67807	48444	61169	63142	58125
AT2G29450.1;AT2G29440.1;ATG2	9470.1;ATG2 ATUSTS, ATUSTU1, ATU3-1A, GSTU5 - glutathione S-transferase tau 5	3.10E-02	1.22	778	13	11	2h	0h	3263356	3453871	2904785	3029423	3326786	3533419	3303568	3007239	3113562	2813257	2821083	2883563	2697199	2731962	2937986	2914388	2457378	2788010	2617781	2355778	3118310
AT5G01050.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	3.10E-02	1.33	128	3	3	0h	4h	1205676	1458893	1412210	1255509	1248196	1608834	1392964	1199151	1106250	1109214	1038104	1283022	1254951	1027286	1117381	1278637	1149868	1193527	952514	1012201	1027345
AT5G06600.1;AT3G11910.1;ATS	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	3.10E-02	1.58	310	8	8	0h	4h	264600	266888	272890	313836	189191	352121	310047	307015	219217	317693	294792	303418	308566	253567	297438	411780	377447	353591	422166	500818	347383
AT3G04690.1	KAB1, KV-BETA1 - potassium channel beta subunit 1	3.14E-02	1.52	244	6	6	0h	4h	347749	297241	367188	414958	362568	333727	326161	287256	412043	446159	377146	380155	391173	454387	382094	509092	345832	346751	544676	532284	465998
AT4G32500.1	ATNAPR, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	3.14E-02	1.25	142	2	2	4h	0h	73984	54284	82256	112363	87421	74536	132024	108330	93616	100941	103011	72810	59855	64594	91143	72755	75935	84675	59042	27598	68353
AT4G33580.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	3.14E-02	1.54	1193	17	14	2h	4h	2740351	2138965	1848521	2102799	2073229	2134929	2340886	2586166	3269707	2604473	2316969	2204785	2697494	2523770	2008461	2660717	2495454	2496554	3177475	3655583	2860564
AT4G29490.1	Metallopeptidase M24 family protein	3.16E-02	2.44	20	1	1	2h	4h	114608	143235	120568	129400	98996	206439	118828	101790	82318	125496	101735	118726	129443	106151	92835	41108	78682	113736	61772	35520	80775
AT3G05560.1	UGT1, UGT75B1 - UDP-glucosyltransferase 75B1	3.17E-02	1.52	267	5	4	2h	4h	87951	114887	75832	123808	120859	112201	94061	127521	78891	84012	92912	90311	109964	107501	107392	146195	110103	107885	126331	155107	124403
AT5G58330.1;ATSG58330.2;ATSG58330.3	lactate/malate dehydrogenase family protein	3.18E-02	1.32	901	14	13	2h	2h	5449268	4926264	5831552	5225517	5618165	6135085	5203567	5259838	5040826	4479233	4863922	5898429	5550592	4987827	5108169	6049998	5174596	5048968	7160698	6884523	5059430
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	3.23E-02	1.86	388	9	9	0h	4h	218598	373346	365419	396407	329293	514130	373159	473847	371069	285772	346261	382044	356789	270884	402190	302786	301277	344230	185532	200968	280887
AT3G17870.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 6	3.25E-02	1.66	65	1	1	0h	4h	925875	977443	583572	553000	542159	677568	494704	593189	409378	752186	744367	550937	652326	626904	552334	817410	812399	731598	708983	944414	650851
AT4G21810.1	AFH2, AFH, ATFH2, FH5, FH, ATAFH2 - S-adenylylphosphosulfate reductase 2	3.27E-02	1.86	29	1	1	0h	4h	18540	24882	13808	46330	40808	35732	46478	42778	41796	46965	50184	53212	42753	44473	51217	23720	45049	29799	40740	37821	31955
AT3G13235.1;AT3G13235.3	ubiquitin family protein	3.27E-02	2.23	230	4	4	2h	4h	127297	59455	129650	87269	117291	82557	87108	120838	88663	107032	89022	103116	70176	94308	97711	155288	76652	134515	165738	221237	196818
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	3.28E-02	1.74	659	12	12	0h	4h	4142940	2980894	2545684	2023688	1479560	2012528	2098555	1748174	1582986	2594443	1787230	1931475	2509059	2182541	1882717	2394370	2900083	2488715	1987218	2915507	2370198
AT4G04610.1	PAB5, ATPAB5 - polyadenylate binding protein 5	3.28E-02	1.34	588	10	6	2h	0h	1876087	1294549	2699813	2708179	2102006	2307483	2976669	2513082	3283364	1840002	2866464	2801669	2876888	2550623	2698008	3130101	3457838	3243824	2760822	2944108	2395308
AT3G56240.1	CCH - copper chaperone	3.32E-02	1.71	399	6	6	0h	4h	493932	384704	493963	365905	454275	317954	612592	734971	603142	383212	664319	423830	434035	475470	479342	452235	494129	386834	462101	475915	421818
AT4G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein	3.34E-02	1.41	317	7	7	2h	4h	345570	364400	283587	355531	330389	460141	249602	320745	285699	241046	305965	312408	307131	351167	347015	222401	283916	274514	313153	342642	345544
AT5G18470.1	Curculin-like (PF4) lectin family protein	3.34E-02	7.95	115	2	2	2h	2h	13561	13967	12400	17219	28764	11894	24735	10789	133696	18250	15396	27979	36818	57208	30009	95605	70159	61038	85983	170294	72837
AT4G04770.1;AT5G44316.1	ATABC1, LAP3, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	3.37E-02	1.70	238	5	4	2h	4h	267210	200371	350308	308856	259083	389552	236399	325005	304100	262025	221742	216920	256056	234486	335596	226408	193934	141243	173733	199222	214507
AT3G56910.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 5	3.37E-02	1.67	54	2	2	0h	4h	302453	369819	219883	189303	177647	206036	212364	178776	176162	269291	221842	166386	299183	211884	196707	257573	303254	260218	290260	305830	238946
AT4G00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	3.38E-02	1.70	106	2	2	10h	4h	6210046	724481	412833	442358	339401	462409	483403	321374	317080	437964	432671	405161	474007	413686	379370	660191	695480	548673	371821	568950	483857
AT5G41670.1	Inositol monophosphatase family protein	3.38E-02	1.24	1428	15	15	2h	0h	5232800	4756745	5047736	5373960	5415274	6079309	5058256	5582281	5156601	6148220	5023311	6202124	6884111	5020909	6580219	4609876	4889084	4539772	4644048	5150715	4850920
AT5G28500.1;AT5G28500.2	Glycosyl hydrolase family protein	3.40E-02	1.48	311	5	5	2h	2h	1674654	1382946	1363669	1497880	1340232	1794429	1406705	1447780	1493972	1239412	1294666	1231198	1037869	1145439	1248083	1475669	1046705	1147042	1053382	1292349	1312340
AT2G39220.1	PLP6, PLA IIB - PATATIN-like protein 6	3.42

AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	8.86E-01	1.21	563	11	8	24h	6h	585478	534392	464952	564083	394611	701042	555980	588221	519675	503270	446133	539550	528747	535268	530528	482439	607781	607345	456353	643880	704898
AT5G19460.1	atnudt20, NUDT20 - nudix hydrolase homolog 20	8.89E-01	1.76	38	1	1	6h	10h	24443	19442	18175	23816	26670	29715	50269	33572	2608	54139	25834	26275	29929	31367	15116	20680	23724	16058	25698	30935	20491
AT3G25520.1	AT1S_PSY3, DUS, RPL5A - ribosomal protein L5	8.92E-01	1.55	31	1	1	0h	10h	54850	31359	37482	51060	37024	25015	63183	12507	45094	34323	32591	34147	40725	30098	45320	15698	27707	36382	21998	40315	50115
AT4G01030.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	8.98E-01	1.70	20	1	1	10h	8h	4525	2939	3317	8057	2780	2905	5575	3058	5581	5599	7386	988	5622	1407	3418	6056	9272	2451	6185	4126	5589
AT5G12110.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	8.98E-01	1.44	163	3	1	6h	24h	8572	9271	13566	7696	12151	16259	7764	13207	9643	9143	11012	19113	10064	10659	12943	4737	11087	15106	7057	9064	11195
AT5G20290.1;AT5G59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	9.01E-01	1.17	499	7	7	2h	4h	1244089	1687813	1050829	1261267	1248759	1575892	1171571	903178	1425082	1532882	1155093	1148330	1357139	929064	1307701	1058129	1324779	1143493	1067307	1400842	1187038
AT3G14220.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	9.06E-01	1.38	47	2	1	10h	4h	130525	92108	89676	65711	57098	156521	69542	78570	84558	69458	72475	134242	88943	99958	100530	58695	123386	140018	81337	114836	111559
AT4G39330.1;AT4G39330.2	ATCAD9, CAD9 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	9.10E-01	1.15	783	9	9	6h	8h	3565481	2593919	2407969	3122719	3083647	2443388	3033577	2744917	2694441	3745165	2688459	2506575	2665613	2736392	2340935	2981096	2783870	2377494	2809440	2660285	2486996
AT1G05120.1	Helicase protein with RING/U-box domain	9.11E-01	2.11	29	1	1	2h	6h	730	17841	5922	14269	7906	8803	3323	12126	4462	3281	1532	9868	11647	1722	7389	4176	4596	8030	1652	9215	9960
AT5G17920.1;AT2G41800.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	9.17E-01	1.10	4117	51	21	10h	24h	48978926	41424420	45144968	45039682	45079526	50693399	46651904	45784936	40884516	51090626	47474916	43718270	47887033	46413757	43228498	60017667	46223767	40323542	44890784	47693402	40205700
AT5G19330.1	ARIA - ARM repeat protein interacting with ABF2	9.18E-01	1.45	23	1	1	10h	24h	81716	43134	43619	86602	61805	19841	74924	56939	63864	55397	31957	86512	61825	50217	63629	99169	43859	67713	53740	27563	64325
AT2G03740.1	late embryogenesis abundant domain-containing protein / LEA domain-containing protein	9.18E-01	1.30	23	1	1	6h	24h	8908	16381	15132	20453	5452	13858	11697	15330	13813	14520	10976	24399	8831	20046	17265	17745	14128	17447	5330	18090	14892
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	9.19E-01	1.21	223	4	3	0h	8h	240699	365587	256838	237443	268468	254549	272239	162415	299037	287362	297685	211841	277901	197455	239656	276085	259731	248520	231715	313503	215423
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	9.27E-01	1.18	643	12	10	6h	10h	970935	1020113	602790	830253	865836	1208646	826469	765953	964918	803932	804794	1314258	909423	946162	903044	433407	1015210	1033438	844511	1043083	981679
AT3G59870.1	unknown protein	9.28E-01	1.17	277	6	3	0h	24h	91541	76122	84189	61776	84559	79991	100356	66071	83642	79693	81876	68653	64627	107525	58410	85203	81844	51753	72635	86354	59118
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	9.28E-01	1.25	1060	20	3	10h	0h	74923	24233	78618	66574	70342	47168	88927	80405	43187	67776	72183	57673	68215	60721	56411	95268	78339	48638	65158	68990	73772
AT1G06000.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	9.28E-01	1.23	92	3	2	2h	6h	72049	47918	65682	63185	37993	94797	59549	47111	65643	56576	54377	48252	74884	55704	64674	78436	59281	55116	75633	57788	59706
AT2G17265.1	HSK, DMR1 - homoserine kinase	9.30E-01	1.17	270	4	4	2h	6h	186201	218885	206151	135618	185247	296445	146496	212611	204134	140375	165276	221801	182669	169598	183237	188108	202772	194260	167942	179413	184922
AT4G28706.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	9.33E-01	1.53	162	3	1	10h	4h	23871	10102	28098	18849	12034	27262	18950	10229	19963	23441	15799	15280	28359	20542	19638	44765	13726	16675	22058	30895	14723
AT2G19730.1;AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family	9.34E-01	1.23	149	3	2	2h	10h	276217	338793	221593	330359	292472	346278	348446	160481	294919	348507	312988	160812	346582	205199	257824	216522	265221	307562	268881	324827	275775
AT1G66100.1	Plant thionin	9.34E-01	26.31	87	1	1	2h	24h	0	20701	3896	0	0	55810	0	0	4150	0	0	20174	4201	0	20248	4105	0	22698	2122	0	0
AT1G49980.1	DNA/RNA polymerases superfamily protein	9.39E-01	1.26	23	1	1	6h	10h	13084	11439	15042	10750	13743	9016	16380	13083	7117	20184	12405	8772	8837	15642	12480	14874	8883	9107	13295	9132	12086
AT4G15210.1;AT4G15210.2	ATBETA-AMY, AT-BETA-AMY, RAM1, BMY1, BAM5 - beta-amylase 5	9.41E-01	2.08	527	7	7	8h	6h	231820	815741	649380	188492	772670	644654	173918	788382	781059	107767	617677	362230	213335	1212527	841432	227234	533359	502701	257868	788506	444563
AT1G20620.1;AT1G20620.2;AT1G20620.4;AT1C	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	9.43E-01	1.20	1569	22	16	24h	4h	27362947	22253738	22151207	18220382	19093909	34449866	18062264	18155409	26013003	17364266	19551655	26328147	19860518	23568815	23683564	16930717	22428051	28571267	19484409	28261463	26764940
AT3G19130.1	ATRBP47B, RBP47B - RNA-binding protein 47B	9.46E-01	5.13	30	1	1	4h	0h	20757	17173	12119	17544	22026	17119	9063	16583	231113	20865	36040	11405	20677	31147	12587	11289	19465	29366	22521	18142	24680
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.51E-01	1.31	182	3	3	4h	6h	40430	92929	72006	56910	56127	82447	70760	80582	65484	62038	51991	51304	66780	37232	88010	57988	47971	89827	58688	52686	72065
AT3G11940.1;AT2G37270.1	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	9.52E-01	1.21	472	6	6	0h	8h	667435	1053363	553528	682872	789401	655828	752642	530175	800386	677619	773860	644049	625119	543693	708790	660403	628673	743427	642127	678859	769320
AT4G33640.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazo	9.60E-01	1.10	136	3	3	24h	2h	258798	172816	239414	228966	152340	241021	228485	210404	187758	234696	194741	193472	236255	250953	184768	217600	211638	219145	214068	228998	239871
AT4G19410.1;AT4G19410.2	Pectinacetylesterase family protein	9.62E-01	1.17	704	11	7	8h	2h	1484532	1258011	1149230	886338	1716328	844432	1365073	1454097	1104610	1467067	1241916	966337	1429069	1468350	1140923	1074312	1535416	1283227	730685	1840652	1184108
AT4G00620.1	Amino acid dehydrogenase family protein	9.64E-01	1.29	60	1	1	2h	4h	120258	116141	90595	112251	122740	148249	96600	89014	111070	127074	80489	146529	134512	75031	136366	179689	47099	124886	122157	99313	79446
AT1G79720.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	9.68E-01	2.80	24	1	1	0h	10h	414914	14018	9496	175944	18731	4422	207612	28859	48443	69356	32398	60278	145405	19545	93087	108486	21166	26895	123170	10019	39685
AT1G07700.1;AT1G07700.3	Thioredoxin superfamily protein	9.68E-01	1.19	120	1	1	8h	24h	110249	183869	148405	149576	137138	173630	124456	153082	171081	107316	144558	184629	97828	180260	185419	50009	200052	163729	100695	187217	100899
AT3G11510.1;AT3G52580.1	Ribosomal protein S11 family protein	9.69E-01	1.14	193	5	5	2h	24h	935366	1295538	835616	1084243	1157750	1011881	1098965	821659	1176920	997299	1051396	951898	1223288	903362	1056108	810013	1220737	1100001	818651	1061015	980519
AT2G37190.1;AT3G53430.1;AT5G60670.1	Ribosomal protein L11 family protein	9.73E-01	1.15	132	2	2	10h	24h	784975	969584	684472	830127	757254	723585	746623	587399	851010	687196	929080	719416	846426	573431	813989	550851	913584	982600	615377	790653	728256
AT4G25100.1;AT4G25100.4	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	9.76E-01	1.21	441	5	5	0h	24h	6407676	7900008	13326892	6239742	6761813	13096149	7299309	7266846	12371778	6789477	9777008	10063596	7789042	6860230	8974699	6169892	5879098	11014701	7731087	5646949	9383548
AT3G53740.1;AT2G37600.1	Ribosomal protein L36e family protein	9.76E-01	1.40	96	2	1	6h	10h	17734	19209	17441	9362	34158	19146	29737	12662	20378	19534	28915	14538	24920	10348	27217	10601	18572	15877	11550	20277	26690
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	9.82E-01	1.21	678	15	14	0h	6h	1303281	1043931	1141798	645056	1122714	1600633	682692	1063985	1522736	906584	914281	1053643	775690	1011363	1211038	1046226	939898	1075852	964562	947858	1252880
AT5G63380.1	ANP-dependent synthetase and ligase family protein	9.84E-01	1.26	65	1	1	0h	4h	6554	13590	18471	13770	6147	10755	8531	8889	13214	11565	12169	8311	12478	11452	7817	12490	11812	9867	12887	12611	8725
AT5G38480.1;AT5G38480.2	GRF3, RCI1 - general regulatory factor 3	9.86E-01	1.12	1006	16	8	24h	8h	3047008	3012393	3278330	2902720	2879958	4113540	2604870	3542893	2992668	3331397	3362110	2838091	3295894	2937904	2811667	3887216	3291333	2628075	3100063	4363012	2676081
AT5G58250.1	unknown protein	9.86E-01	1.21	96	1	1	10h	4h	835696	356827	770153	653150	573964	757358	623912	564167	503419	665037	473631	634019	650490	683180	664279	1074976	403704	575981	592702	650821	548158
AT5G03350.1	Legume lectin family protein	9.87E-01	1.38	218	4	3	0h	24h	452178	133635	412995	315070	190882	386649	304166	266653	342085	278799	184631	387068	252862	235374	285995	301767	183065	381289	255968	206145	264017
AT2G42910.1	Phosphoribosyltransferase family protein	9.92E-01	1.21	283	5	5	10h	0h	308024	234225	224053	294012	219560	285072	225137	241917	380617	271307	251278	260689	248480	294583	262937	496863	246343	182735	309838	297057	272192
AT4G30870.1	ATMUS81, MUS81 - Restriction endonuclease, type II-like superfamily protein	9.94E-01	1.08	23	1	1	2h	6h	196710	157374	194419	170060	196469	215239	199520	207897	158957	185273	152875	200908	182394	193792	170347	230186	199753	140554	178759	174349	188664
AT2G42130.3;AT2G42130.5	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	9.94E-01	1.26	179	3	1	4h	10h	55098	41597	40780	48584	44563	39270	34508	60788	57504	60726	32469	45550	46145	23353	67822	30442	41193	49892	22178	65810	55040
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.97E-01	1.23	113	3	3	4h	8h	115612	197864	148828	107661	114596	196969	79123	109713	295802	99814	157128	149613	138304	103960	152392	184652	98934	180096	146269	130909	165926

Tabelle B7-e: mpk6 DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

										Normalized abundance													
										0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest mean	Lowest mean	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	4.44E-05	6.35	469	9	6	24h	2h		364569	429371	261596	320402	302819	270752	291718	304848	459662	235791	757082	406233	410771	305893	376334	669386	550239	407247	2324342	1403228	1952378
AT1G24503.1	ALDH2C4, ALDH3A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	4.11E-05	2.56	571	10	10	24h	2h		527076	526260	728791	580145	564363	602564	603941	662740	580627	965086	629792	592653	772892	614292	584033	780697	737892	683976	1733627	1250061	1482207
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTU - glutathione S-transferase 6	8.00E-07	6.75	325	7	4	24h	2h		491586	704070	409513	370732	463040	429277	390521	565348	614192	628064	754355	614678	597768	372451	559921	931528	699925	584024	3403640	2168134	2955132
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.72E-04	2.91	416	5	5	24h	2h	AT2G02930.1	637163(	5963691	3863726	3415852	4755179	4616944	4292653	3746353	5284649	5562056	5426687	3840197	4912585	4134555	4333115	4978895	5294198	3538708	15409317	11688566	10052442
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	2.97E-04	3.30	313	5	5	24h	0h		130606	147295	387678	609612	546245	507890	655309	545429	554537	610721	440750	393422	395731	383297	333780	311389	226507	268611	650831	683643	863140
AT1G05010.1	EFE, ACO4, E4/1 - ethylene-forming enzyme	4.96E-04	2.47	179	4	4	24h	0h		465566	403358	434623	336153	306970	402780	423027	405349	319504	879858	349778	399040	472665	358028	404144	600891	458586	455122	919741	830475	835322
AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.11E-02	2.46	159	3	3	24h	0h	AT3G18000.1	152447	98453	104099	150293	204688	92088	222360	188476	184082	124143	247530	150650	162588	304115	356454	237933	262981	265035	292909	343896	236508
AT5G37600.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	4.09E-02	2.54	170	3	3	24h	8h	AT1G66200.1;AT1G66200.2	306147	308443	258611	295094	311759	420138	115857	345591	185193	530933	411185	331541	286363	131140	152326	291459	196277	241363	419013	273416	755628
AT5G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	1.86E-02	2.33	148	3	3	24h	4h	AT1G13440.1	222808	147251	239756	256145	206440	209818	119133	150257	108419	338661	192312	197655	240841	183541	222124	216448	183261	224185	209830	272591	197189
AT1G05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	1.04E-02	2.02	61	2	2	24h	4h		266478	282498	367415	132822	238811	250971	179195	192558	138205	219770	213660	202934	263371	244136	202697	256994	271223	291600	259317	415588	354115
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	2.42E-04	3.55	156	2	2	24h	4h		298286	249921	149226	152352	268089	238577	134797	167708	184438	303656	196668	170440	164281	148739	179289	222106	209988	191159	683265	580394	464130
AT1G76030.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	9.95E-03	2.05	202	2	2	24h	0h	AT1G20260.1	325439	227772	231554	226269	264875	222937	332357	237090	263176	89556	186467	169138	316865	225533	351783	222906	207682	244127	305465	267652	338277
AT1G67090.1	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	3.79E-02	Infinity	130	2	2	24h	0h		106	0	169337	0	0	0	3922	4393	40690	3787	53128	0	0	6292	0	0	4236	3934	1334797
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	3.79E-04	2.57	152	4	4	24h	2h		173758	209217	204230	121737	130974	173772	141880	175157	136699	354695	195929	210948	189764	164860	164752	226468	149100	183796	413062	302346	381639
AT4G21110.1	O-methyltransferase family protein	5.48E-05	6.01	82	2	2	24h	0h	AT1G21130.2;AT1G21130.1	25619	8720	8559	13442	15910	17015	16890	14398	13246	50576	30887	39905	35904	20180	18966	71749	41604	45015	113550	53731	90673
AT5G28940.1	AIG2 (avirulence induced gene) family protein	2.74E-02	4.05	57	2	2	24h	0h		58482	68433	83153	34011	72391	82387	77054	71133	56904	39723	29152	54881	79799	42246	153684	77110	103464	91851	88710	179106	213761
AT4G33010.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	1.56E-03	Infinity	73	2	2	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	972	4304	1185	0	0	1715	13470	32032	
AT1G08830.1	CSD1 - copper/zinc superoxide dismutase 1	5.44E-03	2.23	66	1	1	24h	8h		222749	337776	295983	262361	339106	300199	339495	188193	338894	614084	396040	419657	180616	338594	225747	243719	250543	321017	468497	517148	673947
AT3G18220.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.47E-04	2.22	58	1	1	24h	8h		264819	270610	231235	327624	376622	316501	242299	273060	379054	560188	429583	495807	308736	315176	323416	305873	312227	373028	710960	456685	536130
AT3G04720.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	8.64E-03	4.12	98	1	1	24h	8h		158240	227598	66859	152330	223390	150152	89332	108158	149718	165285	198109	117799	113854	85701	76730	123575	170728	70331	527651	332013	279538
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	1.65E-02	3.02	68	1	1	24h	8h		479515	330784	302349	308481	319382	478218	133166	381826	202432	377035	470461	165054	129536	171663	157356	269972	210309	166923	393507	469478	520038
AT2G20260.1	PS4E2 - photosystem I subunit E-2	1.87E-02	153.99	34	1	1	24h	8h		11702	81224	113957	227	390	869	13860	94333	4413	100974	657	92586	26309	42981	98140	9523	75512	2112	50901	58551	119421
AT1G16530.1	Legume lectin family protein	1.82E-02	2.71	117	1	1	24h	4h		239629	198885	90688	118499	164317	183027	133734	148119	130776	275649	154915	182749	204092	136487	150534	220275	176046	103840	532115	374615	324757
AT4G30510.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.79E-03	2.29	26	1	1	24h	4h		170348	159522	203528	112067	78756	143392	130078	141580	145136	276558	152412	192050	187629	170232	197864	224361	193988	165395	271543	204646	288884
AT4G00490.3	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	4.93E-02	7.93	26	1	1	24h	2h		31573	46542	64418	19655	18460	3712	44671	37931	41549	43434	3235	35844	53194	38631	78101	4550	39581	45669	40526	39894	103717
AT2G33845.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	1.05E-02	2.83	31	1	1	24h	0h	AT1G21130.2;AT1G21130.1	57618	41579	15058	53751	16451	31940	88719	46732	54446	46771	22474	49133	87450	88741	111526	29016	101120	46435	95462	75660	117947
AT3G22200.1	POP2, GABA-T, HER3 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	3.69E-02	2.57	58	1	1	24h	8h		70608	57975	36985	35778	59512	70560	44487	32171	36075	27852	62252	75166	39945	29647	24778	31590	37667	35586	78466	58476	105860
AT2G41160.1	Ubiquitin-associated (UBA) protein	2.52E-02	2.31	26	1	1	24h	2h		90707	93589	131288	83848	104186	69188	100991	95136	94328	189389	82497	98174	152234	101647	95174	141447	125571	100927	246758	160004	175264
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	7.19E-03	2.55	109	1	1	24h	4h		162580	115460	157466	118413	162178	122803	25524	21903	30931	19489	38739	26441	26433	27810	28980	32053	23029	54570	51829	40267	
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	1.64E-02	3.30	109	1	1	24h	8h		27768	64012	45070	64824	81984	127278	21732	35775	34776	117834	50646	86785	36802	59705	40122	44402	42069	27841	86767	48157	169667
AT5G17380.1	Thiazole pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	1.03E-02	2.22	68	1	1	24h	8h		68097	65033	53746	58411	54642	72965	52349	55778	68038	88363	53030	65561	73977	45889	49858	58166	37178	74840	159700	98032	120525
AT5G51830.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	2.00E-02	3.23	21	1	1	24h	0h		36011	17940	6324	16361	19381	29563	40960	40613	19041	78212	32368	77120	55515	34636	52966	41752	29517	44790	54238	55894	84580
AT3G24490.1	30S ribosomal protein, putative	7.93E-03	7.69	50	1	1	24h	10h		68934	41812	9305	40234	74237	88280	27838	30293	18553	40151	35935	82015	20133	32881	21471	3471	11648	19671	74800	72479	120108
AT3G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.43E-02	2.22	51	1	1	24h	6h		31670	43933	23799	30464	35154	20592	35891	40702	42300	12404	25668	24822	36934	43320	40410	26958	38952	39233	38154	41600	59655
AT4G33030.1	RmlC-like cupins superfamily protein	2.76E-02	1.37	27	1	1	24h	6h		63325	46002	78298	52246	44382	65979	42083	49280	39860	8991	16243	38283	43206	38438	62018	37412	53433	64376	47424	91980	74815
AT3G30510.1	ATRFNR2, RFNR2 - root FNR 2	5.17E-03	2.28	26	1	1	24h	8h	AT1G30510.2	30093	21661	26614	25673	15948	16886	23624	31069	23794	52416	34475	29567	21571	13238	19006	20055	22985	33146	49893	38551	34004
AT3G54430.1	ATPHOS32, PHO532 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	9.99E-03	4.22	85	1	1	24h	2h		25016	29544	22581	15059	7772	5293	20808	55257	19678	44959	16918	37728	25925	33662	37836	19472	17641	26601	32324	27623	58637
AT1G19310.1	unknown protein	3.95E-02	5.26	34	1	1	24h	2h		30700	13113	23731	4195	6982	3718	18423	15535	14434	41171	9757	13219	8017	15759	14326	13893	17510	6817	10873	21238	46227
AT3G44310.1	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	2.82E-02	9.90	48	1	1	24h	4h		4233	32847	28706	10295	21282	24714	2916	9009	2994	22343	26727	20866	24574	0	0	8682	14763	19516	13052	20169	114480
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	3.50E-02	8.66	91	1	1	24h	8h		8454	22990	81149	18264	7643	19298	5339	2305	6010	69768	12345	34772	14563	13948	3664	19343	17732	27644	29449	17941	70897
AT4G15480.1	GLX2-3, ETHE1, GLY3 - glyoxalase II 3	3.48E-02	2.64	28	1	1	24h	10h		15836	22443	13425	13527	13270	21994	13645	13467	20373	15621	29647	27342	24432	12068	21041	8010	7046	15839	26079	24256	31545
AT2G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	2.64E-02	1134.71	37	1	1	24h	2h		699	6380	5704	0	0	18	1819	7991	1150	366	3785	8362	3402	5520	991	9015	8093	333	13914	0	6892	
AT4G26900.1	AT-HF, HISN4 - HIS HF	1.79E-02	Infinity	19	1	1	24h	0h		0	0	0	5552	2867	2632	2841	0	3171	4416	11746	3846	0	0	0	759	0	0	0	0	21250	
AT5G38830.1	Cytokinin-tRNA synthetase, class Ia family protein	4.85E-03	3.43	41	1	1	24h	6h		15634	11617	21254	23591	20631	13096	16313	18355	21161	7370	5115	9429	15539	26577	17781	23878	26452	21486	11250	26796	35036
AT5G52920.1	PKP1, PKP-BETA1, PKP2 - plastidic pyruvate kinase beta subunit 1	4.19E-03	Infinity	78	1	1	24h	0h		7378	12764	19531	10095	23103	5464	0	0	0	8	0	22337	0	0	0	0	0	0	0	0	62381	
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	3.79E-02	11.29	27	1	1	24h	4h		28473	6318	35266	7770	13397	11014	3680	3472	2623	2339	1833	7930	13958	4965	14699	9133	3550	15482	8941	14877	86554
AT1G08200.1	RS2 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	4.40E-02	Infinity	28	1	1	24h	0h		0	68	0	14	0	0	287	113	38	0	0	0	3323	479	0	1087	0	158	1292	2329	25029
AT4G01610.1	Cysteine proteinases superfamily protein	4.86E-02	Infinity	59	1	1	24h	2h		8899	3978	3441	0	0	0	5786	13660	0	6158	2744	2019	1690	0	4885	1574	12596	1250	33683	
AT3G22860.1	TIF3C2, ATEIF3C-2, EIF3C-2, ATTIF3C-2 - eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C2	1.14E-02	2.24	24	1	1	24h	6h		6995	7709	5903	5415	5177	6984	5755	5089	5020	4270	2430	5667	4463	9480	9016	8466	8035	8528	8403	9630	9698
AT4G16045.1	TRAF-like superfamily protein	2.79E-02	2.20	21	1	1	24h	0h		228626	692263	1176229	705076	751757	711352	780229	771916	721031	1362140	1199200	1063438	1528078	1188113	1054108	1396983	1326646	1351636	496884	556519	802343
AT5G27150.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	3.72E-02	2.27	93	1	1	24h	6h		1915587	2060152	882551	1860868	1840208	1594477	2182055	2170806	2190982	4166685	3055596	2365432	2124158	1807929	1415879	1585078	2171468	1676555	3996908	1234830	3081932
AT1G72150.1	PAT1.1 - PATELLIN 1	4.54E-02	2.07	58	1	1	24h	4h		337054	344374	175480	289038	222448	211147	353292	160542	238364	324267	314627	290257	159532	166391	202065	224287	199150	229628	94643	173375	181214
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	1.97E-02	2.00	44	1	1	24h	6h		162608	135070	204697	290982	249658	278384	195855	218877	199135	259788	346425	282493	225175	218674	158499	318274	184571	189618	159397	113572	170805
AT5G51570.1	MSRB1, ATMSRB1 - methionine sulfoxide reductase B 1	2.69E-02	2.04	126	1	1	24h	4h		83301	91527	81243	86531	73236	91061	88299	107104	82387	177583	124914	145624	116079	100381	94616	87034	127784	94260	74957	86339	94882
AT1G16880.1	uridylyltransferase-related	3.60E-02	378.82	86	1	1	24h	8h		606	1117	587	562	1130	1320	545	846	245	286449	838	2612	1255	94	459	1366	130	1328	765	0	0	
AT1G56500.1	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	4.88E-02	5.90	30	1	1	24h	6h		32387	6543	26673	13733	30329	21387	52994	6214	13183	28155	36128	24605	7744	5859	9538	34584	8038	20999	6655	5013	3399
AT5G07981.1	SYNC3 - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	4.78E-03	17.93	23	1	1	24h	6h	AT5G56680.1	24369	16336	94541	37511	25885	35478	11170	21389	18337	136986	20519	64450	6716	8875	6493	26756	6436	63042	5478	4579	2320
AT4G43170.1	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	4.67E-02	4.69	30	1	1	24h	6h		10230	6491	13411	14400	33940	9670	19052	6899	7980	33231	36222	18229	12026	24695	9638	18753	14916	22510	4936	7467	6294
AT4G24450.1	GWD3, PWD, ATGWD2 - phosphoglucan, water dikinase	1.55E-03	5.15	22	1	1	24h	6h		34372	23162	28532	35675	37556	17063	14198	21998	16268	33719	35103	39957	19001	15090	17127	14150	15823	14323	8079	11156	1902
AT2G16160.1	Ribosomal protein S11 family protein	3.37E-02	3.90	46	1	1	24h	6h		17133	11280	22890	16546	34007	24945	44614	21692	18036	40103	79184	31550	24069	27632	12028	19228	27582	15375	13968	16769	7934
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	2.34E-02	2.12	36	1	1	24h	4h		191584	188411	118533	208668	163992	175373	261942	192183	198835	180425	290893	160055	150715	175384	142631	121941	153739	67010	123196	118044	67079
AT5G38410.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	2.69E-02	2.18	113	2	2	24h	4h	AT5G38410.2;ATSIG3841	830411	532752	549239	819020	816226	410400	897960	457412	580528	555177	562327	449303	585950	616431	576765	481600	450773	637292	349273	297085	290070
AT4G20890.1	PSB28, TYP1 - photosystem II reaction center PSB28 protein	3.48E-02	2.08	111	1	1	24h	8h		185947	2030891	134222	2142390	2597541	2443377	2597756	1882210	1763563	2220735	2134714	1952302	2009999	1574424	2108311	2058809	1197838	90596	1412393	985133	1413390
AT4G07920.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	3.37E-02	118.87	62	1	1	24h	4h		8377001	118880	82394	7286194	5566588	5785474	8452028	1436633	4797711	139292	7058101	114173	44483	146081	4830	9756157	153824	5123763	82024	17274	57491
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	4.61E-02	2.47	84	1	1	24h	4h		58662	67561	101228	127474	101733	96067	106936	88051	80190	142934	64511	57304	98760	84537	98266	99275	38066	63191	38807	58607	34402
AT4G39480.1	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	5.71E-03	158.64	39	1	1	24h	4h		4396	965	2420	36566	7625	5692	3313	6991	19189	1983	6802	877	0	860	6	166	3379	19393	302	12	0	
AT5G11520.1	ASP3, YLS4 - aspartate aminotransferase 3	4.39E-02	Infinity	82	1	1	24h	0h		11558	0	2007	3242	967	1267	356	1074	214	1202	12173	1600	1071	1685	0	2728	478	21	0	0	0
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	7.01E-03	2.27	48	1	1	24h	0h		110539	47879	68309	69347	56529	64808	58491	49609	48992	58498	48943	80203	41577	43912	41995	56458	64135	55900	27537	30627	41516
AT3G27740.1	CARA - carbamoyl phosphate synthetase A	4.90E-02	2.33	32	1	1	24h	0h		47494	58203	81399	40795	33606	38891	34296	60237	57122	52922	43391	64316	45765	36030	47502	56923	37913	51813	45805	22209	12278
AT4G23450.1	Nucleolar cal-binding protein	3.22E-02	16.59	22	1	1	24h	0h		13307	6823	14866	5075	37	0	10780	1383	3078	3504	9830	11539	2165	807	774	3378	2019	5034	2109	0	0	
AT1G72680.1	ATCAD1, CAD1 - cinnamyl-alcohol dehydrogenase	1.13E-02	39.66	33	1	1	24h	4h		16430	3013	13155	13529	5464	7860	17722	7799	3248	1762	16589	278	1015	999	821	10421	548	1272	332	315	175
AT5G15130.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase-related protein	3.86E-02	12.51	26	1	1	24h	8h		8699	12879	1741	17413	16847	11450	19796	28731	36618	882	30179	17982	21840	53579	21540	1508	1675	4567	32159	33163	9322
AT5G08560.1	VHA-E2 - vacuolar H+-ATPase subunit E isoform 2	2.54E-02	11.63	20	1	1	24h	8h	AT4G11150.1	12261	2409	4041	1939	1731	330	321	4424	623	8073	6226	9467	15674	7950	26285	669	3114	665	16847	10593	14562
AT4G24740.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	1.22E-02	2.19	311	2	2	24h	8h		1585413	17339761	11390993	14525713	18529324	12931176	20192251	18476360	15341742	21430503	21996018	11254453	15318254	20852201	14295981	6431527	8201911	10346336	15880994	17236979	13917889
AT1G23310.1	GOT1, AGAT1, GGAT1 - glutamate/glycine/alanine aminotransferase	1.77E-03	2.16	103	2	2	24h	6h	AT1G70580.1	628248	661430	454899	624695	792334	897769	1864095	538554	279027	943894	907198	748816	585596	479876	290798	403586	382080	415894	645479	685314	663806
AT5G21990.1	Pyruvate kinase family protein	2.21E-02	Infinity	51	2	2	24h	0h	AT2G36580.1;ATSIG5299	0	0	12157	0	1341	0	2252	9374	0	97701	2491	3926	5667	5148	3606	0	0	2537	6521	10083	
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	4.77E-02	2.33	33	1	1	24h	0h		67893	150790	126973	100666	107821	79985	43613	119574	54035	224496	150182	126496	95891	71970	53273	68699	73144	73623	101279	92795	182419
AT5G15650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	3.13E-02	2.66	71	1	1	24h	6h		114917	78206	37698	92231	76649	71109	69036	75833	70822	172708	112704	111171	76648	47169	32278	37995	34403	56901	101678	66360	67102
AT1G54910.1	DNAJ08, LEJ1 - chaperone 60 beta	1.66E-02	2.31	77	1	1	24h	6h		88873	124586	76177	174081	101865	84525	113809	151036	104018	185449	205720	165131	106508	133895	61938	56298	77555	106725	90080	67274	103776
AT1G68010.1	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	3.71E-02	2.19	109	1	1	24h	6h		56585	50570	37926	61565	49913	42578	42798	38529	27790	103769	62447	64855	54559	49556	32618	50571	31030	24064	53473	35505	42059
AT1G71100.1	SOUL heme-binding family protein	6.14E-04	2.66	91	1	1	24h	6h		58358	102601	75157	76097	106553	126894	33873	54340	54613	144790	104044	119941	41598	36635	51964	47155	83827	83319	151570	
AT1G14310.1	TCP-1-cpn60 chaperonin family protein	3.02E-02	4.35	100	1	1	24h	6h		34333	20239	48366	29343	15617	27021	40019	32005	15925	88772	55659	54290	33082	38309	27091	21921	12449	21317	18310	38082	56887
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	1.41E-02	2.85	57	1	1	24h	6h		41444	38583	25516	31794	31229	18273	6691	23270	21188	51179	38070	43680	28319	11205	7308	18553	8725	19346	40793	33519	54296
AT5G09900.1	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	2.63E-02	24.55	44	1	1	24h	0h	AT5G09900.3	2431	3259	3972	4280	2312	3438	3654	2560	5202	38462	12785	1045	3075	26	24	1541	565	5021	11613	10494	
AT3G49120.1	ATPRXR4, PERX34, PRXCB, ATPCB, PRX34 - peroxidase CB	2.50E-02	2.58	51	1	1	24h	10h		276327	220093	184749	228422	163799	185932	205454	137516	365072	200799	268527	208525	128760	98313	269187	84526	98698	90751	184042	159241	154203
AT5G17550.1	BGAL1 - beta-galactosidase 1	1.20E-02	4.39	403	10	10	24h	0h	AT1G45130.1	2533346	934507	513160	590515	377793	431281	389961	350664	410796	548201	461379	566021	420990	244782	311581	285303	238625	382571	318574	289359	498172
AT3G26740.1	CCL - CCR-like 4	4.83E-04	5.02	147	3	3	24h	0h		917175	526831	398897	372772	806

| | | |

Tabelle B7-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit mpbS DD

										Normalized abundance													
										0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (e)	Max F change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest mean	Lowest mean	Highest Δ	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
ATSG17870.1	PSRP6 - plastid-specific 50S ribosomal protein 6	6.09E-06	1.48	89	1	1	10h	4h	96h	986320	991418	881957	744370	706442	636760	708672	680209	626117	753090	722591	712501	771521	705030	676021	921946	1013204	1045231	877141	875266	785703
ATCG00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	1.21E-05	1.65	629	11	11	0h	4h	96h	3255625	3102015	3645160	2175790	2302189	1839328	1799396	2051542	2215418	2641317	2648814	2413158	2341180	2470948	2158263	2765560	3216903	3105725	2813637	2948525	2956847
ATCG38230.1,ATCG38210.1/ATG16050.1	ATPDIX1, 1, PDX1, 1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	2.12E-05	1.58	773	12	9	0h	4h	96h	1188946	1301746	1465005	1545058	1714942	1395721	1855898	2034774	1818729	2108421	2059289	1917221	2024420	2272897	1946494	1753205	1917750	1828357	1530843	1674171	1596053
AT4G39800.1,ATG22240.1	Mt-I-P SYNTHASE, MIPS1, ATMIPS1, ATIPS1 - myo-inositol-1-phosphate synthase 1	2.57E-05	6.84	78	2	2	0h	4h	24h	14427	36811	20591	87375	46174	91200	113847	204800	145699	127278	169637	194627	167058	97353	165888	138465	86474	121858	72076	60666	42763
ATG13460.1,ATG13460.3-ATG13460.4/ATG13460.2-ATG	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	2.84E-05	6.56	156	3	3	8h	0h	24h	13585	15215	20507	36324	28104	23801	55502	79173	41303	101083	60503	94395	86871	127271	109167	31171	78131	69191	71915	60322	48976
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	7.05E-05	1.55	277	4	4	0h	8h	8h	2004267	1934105	2434445	1509379	1560750	1506412	1560495	1545172	1411374	1863867	2236304	1912028	1544934	1254523	1311088	1782458	1906025	2116459	1545722	1634064	1558295
ATG02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTF1 - glutathione S-transferase 6	8.11E-05	5.17	458	10	5	24h	0h	2h	738952	785898	344030	631671	504069	409671	515940	658482	749016	748886	1036996	715289	738318	510035	523873	976978	807452	629798	3678640	1963664	2340496
ATCG13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	9.39E-05	2.12	299	4	4	0h	2h	8h	809392	734988	857312	381323	357106	394236	349889	463159	427229	1100281	598129	578531	489512	420308	454118	674665	683028	657492	657539	650870	700302
ATG02450.1	ALDH2C4, ALDH3A, RF71 - aldehyde dehydrogenase 2C4	0.00E+00	2.48	591	12	12	24h	2h	24h	676265	682139	910266	734929	728668	719504	771875	830249	827038	1251108	767675	753522	1000732	766360	845902	995371	914036	871522	2139171	1506201	1778900
ATG02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	1.11E-04	6.02	471	10	5	24h	0h	2h	385752	422206	272846	289670	309085	290428	296369	297898	459394	218222	796872	375041	416870	314285	395335	643376	542993	397114	2227515	1373432	1748739
ATG24030.1	Ribosomal protein L35 family protein	1.21E-04	1.60	735	12	12	0h	4h	24h	2488448	2089986	2583337	1424966	1783242	1349762	1625462	1364098	1462723	1528696	1805011	1692439	1577829	1617169	1386543	2272754	2221623	2032329	1766121	2062523	1765433
ATCG49030.1,ATCG49030.2	OVA2 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	1.26E-04	1.42	246	6	6	0h	4h	24h	578366	501741	550532	381779	395114	388411	387463	380271	379660	503798	425677	449854	417311	393043	412558	456907	443472	482809	472875	489061	397283
ATG51120.1	RPS15 - chloroplast 30S ribosomal protein S15	1.42E-04	1.79	287	5	5	0h	4h	24h	429832	384687	510289	259052	291004	267396	251159	274951	242350	320232	379914	435248	285357	273725	350736	414665	409971	316533	320190	348233	338297
ATG00660.1	RPL20 - ribosomal protein L20	1.87E-04	2.19	47	1	1	0h	4h	8h	64707	67208	63419	33752	47601	37825	23622	33305	32391	46358	42835	33512	46124	38837	32658	60736	57537	55378	50938	52401	41220
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	2.32E-04	1.49	217	4	4	0h	4h	24h	1289547	1553913	1595128	1119035	1123978	936033	973579	964702	1046728	1540742	1408578	1228410	1255906	1121513	1027024	1408977	1470271	1493512	1381572	1450359	1297459
AT4G05710.1	ACD3 - catalase 3	2.42E-04	1.24	1704	31	19	24h	0h	2h	3871828	4127344	4039260	3451692	3504691	3731515	3741204	3675139	3870950	4488610	4364726	4041740	3768162	3421738	3696965	3795973	3400769	3739948	4615761	4123980	4497960
ATG05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	3.68E-04	1.56	396	8	8	0h	4h	24h	1897148	1792847	1751350	1215878	1394338	1374435	1203421	1167461	1118765	1468678	1930639	1403863	1461528	1275019	1097649	1634693	1814539	1642928	1603785	1632221	1542640
ATG05010.1	EFE, ACD4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	4.49E-04	2.33	363	8	8	24h	2h	24h	802229	593475	642723	614350	547309	647755	823252	636722	516040	878072	639157	599104	809183	603026	645343	910884	741587	696067	1620509	1390928	1203148
AT1G07740.1,ATG44318.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	5.26E-04	1.25	1159	18	17	0h	4h	24h	6757322	6501619	7006979	6028614	6180475	6254874	6729746	6089065	6183096	7454184	7333803	7325906	6674194	5552352	6203848	6190610	6389733	6277507	5975467	5670684	6004151
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chorismatefurnon/imidazoleinone resistant 1	5.51E-04	2.58	370	6	6	0h	6h	24h	192621	302585	447736	464039	590967	493950	620893	803815	601191	836296	717515	874970	783984	770719	675318	681155	665886	632586	415785	406357	624507
ATG26740.1	CCL - CCR-like	6.89E-04	4.50	112	2	2	0h	10h	24h	845989	488016	385681	347910	772210	605297	290017	506057	500102	360078	481054	487713	354954	392019	328286	67571	122100	193494	672358	454815	507579
ATG51160.1,ATG66280.1	MURL, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.99E-04	1.41	104	1	1	0h	4h	24h	101882	186115	168207	183069	190741	186530	180629	153441	190878	290680	246437	213433	228610	212119	203872	216932	207570	201857	244885	251794	217485
ATG74970.1	RPS9, TWN3 - chloroplast 30S ribosomal protein 9	7.76E-04	1.70	306	5	5	0h	4h	24h	1103161	1061098	1163014	732302	798438	546172	738564	640688	577390	657541	818017	925489	719233	738554	501917	1041083	1017725	986876	966072	994768	898661
ATG56910.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 5	8.41E-04	1.64	43	1	1	0h	4h	24h	356009	319086	329933	202499	224125	237554	208848	242518	162354	248809	332086	268150	223036	236991	182296	278771	282829	299554	281174	308676	267550
ATG09840.1,ATG53210.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	8.63E-04	1.60	1308	23	4	24h	2h	24h	735052	802318	661508	666517	694937	593601	801668	860984	666790	970945	1042972	850583	847576	753755	731987	836074	824577	717108	1182446	973807	975037
ATG13650.1	elongation factor family protein	9.65E-04	2.03	518	10	10	8h	0h	24h	556057	476459	917502	994508	911917	1002166	1513941	1112210	1145277	1371940	1297529	1236102	1365215	1251005	1349203	1207567	1092440	1122333	767788	928553	1153821
ATG20720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	1.10E-03	1.35	155	15	15	6h	0h	10h	33686178	33731598	33318559	34197694	32102006	35782211	31703059	34522883	35851551	45970954	45941802	40155041	31384844	35679542	32629439	31481500	30394142	35700709	32224733	36562004	37147392
ATG07130.1	NAA2, NAT2, PNA2-1, CHL3, NR, NIN2, ATNAT2 - nitrate reductase 2	1.14E-03	3.21	705	12	12	24h	0h	2h	193416	221779	104196	864703	853504	897608	998021	938471	1149075	763003	685956	689974	660982	534877	565481	982784	478326	1043570	1020462	1390302
ATG27160.1	GHS1 - Ribosomal protein S21 family protein	1.18E-03	1.55	69	1	1	0h	4h	24h	494989	546075	548549	277876	382448	362789	342391	373012	347336	490463	448253	502950	452151	419983	320263	438244	598162	540573	451078	470226	
ATG00790.1,ATG28830.1	RPL16 - ribosomal protein L16	1.29E-03	1.52	149	2	2	0h	4h	24h	750149	823547	702065	492448	627800	492706	439566	605244	455420	722335	791012	602207	571944	495595	477781	730072	786606	713560	637224	791479	645421
AT4G37910.1	mtrnc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	1.30E-03	2.63	674	10	6	24h	0h	2h	149430	148964	179888	213639	204235	193791	220610	217873	205131	276315	356400	243170	274224	181538	320747	272580	351510	330871	527240	498408	230961
AT4G25201.2,ATG02930.1	ATGSTF2, ATGSTU26, ATGSTF25, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.48E-03	2.58	905	14	13	24h	0h	2h	8938883	7629503	4937178	5649864	6253999	5479502	7749932	6347230	5033666	6614441	6098585	8125001	6154719	7013108	5455397	6858677	5901659	6898175	5087232	5910810	4614469	3680997
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.74E-03	6.43	126	3	3	0h	8h	8h	7107	13740	13952	4528	8763	5144	52630	54663	39726	47948	93373	18501	53254	83591	86830	35594	77419	49133	34393	40224	33047
ATG09900.1,ATG09900.2-ATG09900.3-ATG	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	1.88E-03	1.57	232	5	5	0h	4h	24h	245235	277953	284651	198555	210606	217014	316994	237079	240143	359802	281843	285526	303537	235078	231794	257095	218255	214904	330480	332476	324276
ATG79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	1.91E-03	1.25	1233	18	14	0h	4h	24h	6103837	5946517	6813010	5844996	5360181	5857383	5779713	5632153	6070018	6717709	6757399	7049188	6329467	5864043	5810749	6356276	6096889	6024945	6525731	6378807	5967939
ATG03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	2.04E-03	1.63	582	8	7	0h	4h	24h	579066	613696	566674	625244	677179	711965	660442	635895	683768	758856	705602	559915	679702	573970	749746	831138	751456	641671	935078	1046331	879664
AT4G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.50E-03	2.28	37	1	1	0h	4h	24h	33702	30270	24025	26783	24391	23490	32269	23953	21567	24970	28192	36965	26004	25538	21959	23017	24703	18001	15412	15873	8175
AT4G27430.3,ATG27430.1-ATG45080.1	PRB1 - Ribosomal protein S21 family protein	2.81E-03	1.45	99	2	2	0h	4h	24h	617364	512324	544234	364383	411995	459364	498136	498226	395264	455364	579327	519166	532121	542255	443111	484163	542134	602798	520101	599304	612930	554196
ATG02080.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	2.95E-03	1.87	73	2	2	0h	4h	24h	55701	75389	104697	74496	105059	72590	141662	125471	135632	161378	123380	155477	135728	151814	112435	135715	109606	137133	94852	100070	126682
ATG12430.1	TPR16 - Heat shock protein Dnaj with tetratricopeptide repeat	3.01E-03	3.02	25	1	1	0h	4h	24h	4444	5977	8517	9977	7863	8104	20825	15230	11003	7165	5676	12612	11660	18301	9873	12684	9301	13073	20226	15899	21050
ATG51690.1	PLATP49, ATPAP49, ATPAP2A, SPS 50a regulatory subunit B alpha isoform	3.14E-03	1.58	47	1	1	0h	8h	8h	9194	8466	9588	10207	9457	13032	13164	13574	12857	16934	9762	12328	10419	12395	15566	11802	11766	13105	10501	13115	10342
AT3G04720.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	3.61E-03	5.80	121	1	1	0h	8h	8h	161578	287737	66208	151515	259555	173759	97233	110207	154316	218674	229057	125656	114948	80731	70167	122064	180985	77906	73281	419886	388533
AT1G21130.1,ATG21100.1/ATG21110.1	O-methyltransferase family protein	3.74E-03	5.69	110	3	3	24h	0h	2h	61502	43014	47683	49306	81694	34615	72875	76928	47503	198317	39930	143075	212794	70097	86643	123543	189121	147756	359935	176212	329659
AT4G00800.1	ATHP, HSP90.4, ATHSP90.4, ATHSP22, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	3.79E-03	1.27	441	10	9	0h	4h	24h	533039	558944	681713	592208	587156	566384	644303	627797	651751	748822	718082	753056	640025	635122	685525	580194	648919	628597	673373	616885	624318
AT3G14990.1,ATG14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	4.26E-03	1.89	197	4	4	0h	4h	24h	565458	502350	456573	324632	392649	484792	378099	466618	420095	630084	477402	454327	369181	334436	317942	460777	335089	359487	690323	492582	745297
AT2G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	4.63E-03	1.57	418	7	7	0h	4h	24h	816442	711761	944693	774311	696845	819379	680019	586711	637318	738588	726403	892705	794744	594134	619863	525774	624407	664735	551333	576045	451574
AT1G69830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	4.73E-03	1.41	726	14	14	0h	4h	24h	1373678	1406564	1547189	1793534	1524761	1499251	1949402	1809856	1594553	2031121	2219399	1860718	1585518	1671404	1467508	1889404	1634028	1577663	1714640	1706017	1836230
AT4G21960.1	CT-BMY, BAM9 - cytosolic/vacuolar beta-amylase	4.79E-03	1.60	379	820	16	0h	4h	24h	1072921	836554	1244851	1388127	1344185	1388627	1634228	1577235	1407244	1841731	1938034	1487583	1711323	1496832	1300689	1451949	1533779	1412886	1719241	1435094	1241501	1376230
AT1G69820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	5.02E-03	1.62	94	2	2	0h	4h	24h	590156	774980	820398	399858	574050	378042	367935	523601	463021	471451	629491	551092	558210	480925	421365	731647	803595	661239	616208	692036	539539
ATG47200.1	Plant protein of unknown function (DUF247)	5.56E-03	2.12	21	1	1	0h	4h	24h	1711586	2195800	1529021	1710545	2130084	1990262	2156153	2693764	2477229	1034841	798097	1884305	2263228	2658866	2947147	2290478	2927274	2395394	1831537	2440000	1718348
AT5G47810.1	MAGL, YSP525 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	5.72E-03	1.94	92	2	2	0h	4h	24h	118082	130570	100691	80084	104374	97265	95951	109411	113199	167364	132910	122974	136885	70812	63914	112800	93780	70340	147584	119541	101467
AT4G48350.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	6.04E-03	1.46	253	4	4	0h	4h	24h	1093871	998982	1104361	743244	798936	747952	715549	752758	715770	764861	1018612	931612	933412	899580	854930	859418	1193520	1027159	719465	985057	850885
ATG00650.1	RPS18 - ribosomal protein S18	6.04E-03	1.89	57	2	2	0h	8h	8h	105333	91796	125330	65626	64319	70068	103879	69312	64414	143136	106006	116725	67352	82761	43825	122310	128368	116218	105878	72999	138815
ATG14320.1,ATG14320.2	Ribosomal protein L19p/L15e family protein	6.24E-03	1.93	298	5	5	0h	4h	24h	530747	640907	939248	379318	449689	350882	397345	378177	317856	503315	440181	581216	481998	430067	289932	513156	605102	574606	618066	502085	621318
ATG19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	7.56E-03	1.37	439	7	7	6h	0h	10h	3998787	4028060	3498872	4103735	4421338	4718236	4690584	3914931	4322024	5379638	5798336	4504610	4614075	4206327	4193424	3433645	3774798	4248793	4788436	4450102	4900640
ATG15250.1,ATG52300.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	8.09E-03	Infinity	35	1	1	2h	0h	4h	0	0	0	1966	7291	53	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	150	0	613	0	
ATG62490.1,ATG63490.2	Ribosomal protein L6p/L19e family protein	8.58E-03	1.63	596	9	9	0h	4h	24h	3011973	2616644	3367801	1713771	2572200	2135336	2179573	2031183	2154597	1837781	1552693	1818677	2881653	1809605	2043336	2001461	1965515	2834853	2991891	2761875	2456967	2391011
AT2G31790.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	8.71E-03	1.38	99	3	3	6h	0h	2h	156982	165550	195246	156320	148947	157223	187818	192268	178249	224770	213609	199611	172571	168753	186611	246602	187047	179507	200255	185521	191010
ATG53380.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	8.95E-03	3.59	27	1	1	8h	0h	24h	12566	10256	15152	10101	7821	6280	11393	3010	4569	5028	6163	5680	2579	4879	3318	6169	4356	2080	10715	10163	7445
ATG15580.1	Ribosomal protein L4/L1 family	9.02E-03	1.80	282	4	4	0h	4h	24h	1257401	917218	1107094	526735	843215	678932	755439	514992	529883	755742	856422	664797	670470	616347	541336	817656	804996	1134453	870048	805507	603504
ATG16080.1	unknown protein	9.20E-03	1.26	758	15	15	0h	4h	24h	3490656	3571427	3736221	3304405	3359313	3430091	2942031	3377352	3344879	3632429	3779372	3729098	3246906	2804157	3111082	3187720	3158769	3269415	2552688	2944560	3369299
ATG54600.1,ATG54600.2	Translation protein SH3-like family protein	9.37E-03	1.44	122	2	2	0h	2h	8h	976402	752813	869566	566774	641409	591496	799301	664414	625899	666095	642681	630424	632785	658373	654565	674891	815556	718859	633689	818137	741305
AT1G78070.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	9.77E-03	11.85	115	3	2	0h	8h	8h	3934	4380	8292	1005	11503	6400	30008	18022	15226	31757	78245	29233	39701	79782	77414	64743	60085	58036	12995	29178	9694
AT4G31990.1,ATG31990.3	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	9.87E-03	1.34	939	16	15	6h	0h	10h	3433540	3745532	3665100	3925333	3718404	3572815	4281468	3702862	3587620	4914877	4499383	4105003	3865779	3287078	3179094	3502559	3254900	3160993	3939315	3386305	4015167
ATG16530.1	Legume lectin family protein	1.05E-02	3.27	355	4	4	24h	0h	4h	594675	404157	196088	340440	350522	387836	264134	324044	403818	365733	425580	383827	438928	314124	388730	477538	396405	234490	1499225	1123974	618115
ATG34050.1,ATG34050.2	CCoAOMT1 - 5-hydroxyconiferaldehyde O(3)/caffeoyl aldehyde O(3)-methyltransferase	1.07E-02	1.31	542	9	9	8h	0h	24h	1359665	1212983	1386911	1144174	1225777	1205476	1515419	1353107	1395166	1402949	1628686	1541152	1718244	1458474	1512228	1522404	1389461	1553169	1405137	1329512	1539943
ATG52600.1,ATG35650.1	DIM1, DIM1 - isocitrate dehydrogenase 1	1.08E-02	1.28	525	10	6	24h	0h	2h	479445	472922	487552	449144	483961	443593	566580	559319	546614	646646	440268	375941	407334	521892	445328	492618	421389	437526	344964	593279	538704
ATG11870.1,ATG11870.3	ATSRS, OVA7, SRS - Seryl-tRNA synthetase	1.11E-02	1.44	151	3	3	0h	4h	24h	211303	214016	184530	203568	192888	217385	202153	214880	219118	213177	233527	192734	136638	160942	146471	199667	158582	193929	200180	185652	134429
ATG54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	1.11E-02	2.19	519	5	5	24h	0h	2h	531492	530084	587669	555075	433162	548494	555802	545675	379583	480580	603769	576611	529677	528849	372540	609238	508308	435827	1040940	799341	723137
ATG15950.1	CCR1, IRX4, ATCCR1 - cinnamoyl coa reductase 1	1.11E-02	2.15	113	2	2	0h	2h	8h	51861	110594	65818	70104	82468	52528	112295	177954	93010	135531	99194	83986	144705	186106	111774	142423	141103	122535	119312	172363	102099
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	1.26E-02	2.14	742	6	6	0h	4h	24h	17270189	19383702	13346448	16119931	21479960	14718097	23237048	20712978	16970593	23437504	24975143	12697649	17163073	23640550	16777538	7154589	9232550	12199545	17733579	19518789	16950535
AT4G11010.1,AT4G23895.3	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	1.29E-02	1.33	381	6	6	0h	8h	8h	2382045	2755039	2430702	2432351	2432465	2222901	2456381	2580600	2696405	3685051	3003804	2742362	2544173	2318113	2218632	2580480	2481893	2497050	2608049	2582740	3036557
AT2G50540.1	ACAMT7/MTHFD1 - methylenetetrahydrofolate dehydrogenase 1	1.35E-02	1.29	282	7	7	0h	4h	24h	1213420	1302754	1004332	1158439	1366714	1179995	1790008	1402904	1143620	1329783	1124733	1076564	942618	1077924	956229	992147	1074816	1187231	1050981	1265332	
AT4G25130.1	PMSR4 - peptide met sulfoxide reductase 4	1.35E-02	1.36	461	5	5	0h	4h	24h	3327174	2796089	2963303	3685023	3516139	3117069	3642414	2773567	3170192	4599843	4114623	3623109	3213093	3180078	3063069	2834328	3330187	3307547	3015416	2939288	3132648
AT3G22860.1	TIF3C2, ATEIF3C2, EIF3C-2, ATTIF3C2 - eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C2	1.38E-02	2.21	24	1	1	0h	4h	24h	6852	7706	5915	5239	5126	6864	5750	5015	4983	4243	2418	5669	4356	9455	2018	8428	7777	8434	8301	9558	9366
AT4G22260.1,AT4G20260.5/AT4G20260.6	ATPCAP1, PCAP1 - plant cadmium resistance associated calcium-binding protein 1	1.42E-02	1.48	838	13	13	0h	4h	24h	5728910	5776176	6230861	7452644	5972001	6853320	6432607	5034403	5501824	8188868	7215804	7737756	5207242	6090955	5223833	5548608	4700223	6164485	6149851	5215028	5531994
AT3G55400.1,AT3G55400.2	OVA1 - methionyl-tRNA synthetase / methionine--tRNA ligase / MetRS (cpMetRS)	1.40E-02	3.01	115	3	1	0h	4h	24h	81340	89682	102945	65547	78638	69868	80012	84780	46914	121009	94474	86337	23852	32113	44348	80679	42606	51679	42267	44007	117677
ATG60560.1	SWIM zinc finger family protein	1.41E-02	1.38	43	2	2	0h	4h	24h	3331253	3265054	3565403	2693927	2707028	2934486	2958387	3042038	2827828	3129304	2987335	2904059	2590914	2320319	2565093	3092018	2755307	2484535	3167530	2368598	2946828
ATG14980.1	CPN10 - chaperonin 10	1.42E-02	1.57	47	4	4	0h	4h	24h	712300	728975	564293	776481	679533	550385	666383	770152	641752	1055539	1114440	970452	827077	941110	875570	1004023	913112	760989	744090	759465	644909
ATG17240.1	mtLPD2 - lipoamide dehydrogenase 2	1.42E-02	1.96	748	13	2	0h	4h	24h	112003	105938	52126	95813	107969	100561	107271	109904	92192	160251	171984	136190	97438	71058	70537	71211	97824	76857	130595	103719	104446
ATG23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	1.43E-02	1.50	1386	19	19	0h	10h	10h	11397712	10636400	8129940	7450640	8572551	8428609	8314166	8176942	8226672	10542828	9019754	7235043	8178792	7512538	8110424	8440043

AT2G17360.1;AT2G17360.2;ATSG58420.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	8.05E-01	1.28	335	8	8	6h	4h	779957	912694	1299845	723389	1309262	953043	926317	883101	896285	944436	1235993	1273275	1028430	1097336	1046160	895405	870411	1163656	810775	1212173	1212452
AT1G30230.1;AT1G30230.2	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	8.05E-01	1.24	609	10	5	8h	0h	1005585	686414	836291	944087	989062	1061348	1096617	920554	967425	694515	1388612	981415	1060743	1140179	932588	1028777	1133070	909405	1012808	1162443	791507
AT2G30970.1	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	8.05E-01	1.17	617	10	10	4h	0h	2210282	2578768	2635184	2688852	2528730	2358667	3107027	2501209	3077031	2244163	3170591	2725923	3095636	2381334	2514578	2908531	2750640	2561338	3264195	3095065	2174243
AT2G20270.1;AT2G20270.2	Thioredoxin superfamily protein	8.05E-01	1.19	162	4	4	6h	0h	1200679	1050136	731144	1082710	951233	995921	1203650	972007	1000012	1184217	1183533	928008	985446	935520	852339	1121540	1004403	905626	856989	1046212	1023211
AT3G15520.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	8.06E-01	1.23	574	11	11	2h	8h	1229268	985221	1258086	1039509	1117521	1425539	1074031	1083719	1199481	1519617	1090128	892151	929719	982145	1003970	1353006	886669	1042884	944615	935778	1269245
AT5G62530.2	ALDH12A1, ATP5CDH, P5CDH - aldehyde dehydrogenase 12A1	8.06E-01	1.29	339	8	8	6h	8h	538182	544249	585874	611729	473105	475279	538285	499003	443384	716425	469766	650824	645279	389469	378484	531711	399636	553118	526014	338729	706183
ATSG40290.1	HD domain-containing metal-dependent phosphohydrolase family protein	8.06E-01	1.27	27	1	1	6h	0h	4743770	4154314	3476353	3405076	4104249	3735724	4069829	3313015	4308221	1678087	4527569	3553315	3997443	4624169	3601257	4043577	4516218	3508977	3803695	5149666	2412272
AT4G17530.1;ATSG47200.1	RABSC, ATRABSC, ATRABD2C - RAB GTPase homolog 1C	8.06E-01	1.26	61	1	1	2h	6h	29921	22623	29670	36272	21950	41973	26089	21405	36023	29852	24764	24782	43947	26749	26717	40312	32348	25216	26131	27982	27104
AT2G31550.1	PKT1, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	8.06E-01	1.26	538	9	9	24h	4h	1247568	2492639	1140984	2103543	1844214	2405574	2116941	2096165	2092202	2810130	2457659	2251924	2586527	1742070	1878460	2440309	2098874	2129368	2970965	2477098	2378875
ATSG58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	8.08E-01	1.28	97	1	1	4h	8h	133256	134262	69973	116818	88635	157921	114688	133364	135113	99490	137665	133563	103717	66731	128622	143513	96371	98938	118969	129519	127527
ATG627401	Hop2 - stress-inducible protein, putative	8.08E-01	1.27	243	4	4	6h	2h	188169	111305	89560	117246	102410	106785	127810	94793	112521	109772	187043	117972	124203	137560	134456	106244	134795	143636	128983	134263	115110
AT5G43810.1	ATGSTU27, GSTU27 - glutathione S-transferase tau 27	8.08E-01	2.58	23	1	1	10h	0h	953	4674	14716	4574	8389	28883	854	20288	9354	85952	12930	6439	4750	12897	6018	33924	6716	11851	4422	4771	34011
ATSG08030.1	Protein of unknown function, DUF642	8.09E-01	1.26	642	13	13	2h	0h	2610163	4562363	3439955	2955821	3360033	3151047	3351678	3639591	2491204	3095479	3409428	3107035	2752340	3321197	2950904	2685599	3656933	3058797	2549065	3264677	2620935
AT1G07110.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	8.10E-01	1.44	54	1	1	6h	0h	29123	22295	22050	30587	17131	30301	32454	30197	19577	23540	53301	29017	26540	28446	25682	27572	29027	27515	34025	33890	21651
AT4G23810.1	WRKY53, ATWRKY53 - WRKY family transcription factor	8.11E-01	116.72	28	1	1	24h	8h	891	1523	4678	2158	4781	150	1140	0	1404	921	4331	0	72	326	35	1461	1695	1267	1	1385	49394
AT1G22550.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	8.11E-01	2.76	24	1	1	6h	0h	1209	42787	84726	78386	5708	2576	0	67146	36343	138709	17200	72116	4904	52208	12622	0	56150	95124	34687	10563	37330
AT3G13590.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	8.11E-01	1.19	509	11	7	4h	0h	2146308	2251269	1613462	1759369	1807421	1748079	1652705	1751081	1630744	2488458	1337924	1888381	2097015	1453613	1632291	1843327	1854771	1466491	1801951	1729152	1767621
AT1G66240.1;AT1G66240.2	ATX1, ATATX1 - homolog of anti-oxidant 1	8.12E-01	1.19	174	4	4	2h	8h	1262811	1040404	689714	1159406	1006110	1210466	1112119	1026577	936649	775962	1358283	1065711	1127653	863278	848070	972556	946794	944656	1247860	1107394	1001929
AT5G02580.1;ATSG15520.1	Protein of unknown function (DUF1421)	8.12E-01	1.75	96	2	2	4h	0h	84393	25734	33758	54938	94612	27574	118458	39986	86486	16330	114119	37431	36479	138113	50917	70373	94872	46591	27992	91034	20694
AT4G43560.1	Aty2, Ty2 - thioredoxin Y2	8.13E-01	1.31	41	1	1	4h	0h	118821	145710	36687	105965	99738	116214	118247	146539	124886	127771	130888	159995	72069	124960	115381	143586	99436	155016	71984	135357	146568	97196
ATSG41590.1	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase family protein	8.13E-01	1.24	362	9	6	2h	8h	159191	170637	104010	154231	123922	164778	113245	159353	132048	192828	105729	138632	115542	109177	132902	142471	95530	134132	135218	122718	132375
AT1G80690.1	WIN1 - HOPW1-1-interacting 1	8.15E-01	1.28	420	8	7	24h	2h	1645049	1808856	1678497	1644965	1938823	1974880	1912416	2012727	2001932	2612082	1889043	1959818	2058841	1841780	2081236	1958810	1862263	2164099	2035432	2052753	2444436
ATG315660.1	Protein of unknown function, DUF642	8.16E-01	1.41	36	1	1	4h	6h	47047	48265	26190	38053	41924	50043	59965	46645	28239	17137	67066	39724	43436	37607	36427	40679	27966	32655	35479	6493	53604
ATSG16390.2;ATSG15530.1;ATSG16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1, CAC1-A; BCCP-1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	8.17E-01	1.53	290	5	5	6h	8h	1290889	1522198	1676974	1630952	1353031	1420607	1403730	1357415	1616381	3260854	1200247	1751915	1353157	1235275	1471480	1515679	1054080	1571255	1176599	1041809	2542016
ATG937101	RIF10, PNP - polyribonucleotide:nucleotidyltransferase, putative	8.17E-01	1.14	498	12	12	4h	6h	947156	1050277	930623	914297	980088	1054565	1046375	1015685	1048874	659222	1122529	943998	1011249	965122	1070002	1011870	990892	847655	917022	1108255	833461
ATG03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	8.19E-01	1.19	509	11	7	4h	0h	745883	604340	651498	561802	617908	597832	777451	615440	724710	561970	743867	637549	724733	647649	623907	705668	677235	560934	725419	702659	422516
AT2G42740.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	8.19E-01	1.58	123	4	3	4h	6h	187727	245377	380083	335936	552975	310197	278392	331595	221241	145617	604627	532096	400471	425302	235088	290470	304205	193473	321441	326476	179821
AT4G16060.1;ATG645620.1;ATG645620.2	Proteasome component (PCI) domain protein	8.19E-01	1.48	129	4	4	4h	6h	58111	28734	51456	36286	48405	35492	56091	26078	50426	4760	57960	32888	47787	47439	36042	55654	44181	26299	47527	50619	7410
AT4G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	8.19E-01	1.13	1593	21	21	6h	8h	19315098	19874222	20206009	19827683	18269683	20722588	21046586	18434626	19237822	24518748	18259935	18127056	19399671	16511818	18143663	20446459	16430665	20659810	17850699	17847572	20194944
ATSG61130.1	PDCB1 - plasmodesmata callose-binding protein 1	8.19E-01	1.38	198	2	2	24h	4h	339719	185463	149735	187507	265926	268544	258677	202840	233984	182865	310664	208586	279879	275072	259823	183081	308862	205595	185174	282702	124628
ATG09410.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	8.19E-01	1.28	245	5	3	24h	2h	5132265	6084432	4717161	5856965	5460905	4727342	6075467	3785536	5940194	5346702	5921563	3813304	4922084	5798719	5884791	5708868	6860667	4857170	5352958	7829170	4808155
AT1G33120.1;ATG10450.1	Ribosomal protein L6 family	8.19E-01	1.56	189	5	5	6h	0h	269378	333855	540764	307889	828590	413278	383947	568477	376537	345248	907443	536262	481382	636879	366363	324808	427424	592735	345324	514516	303067
AT2G20200.1;ATG75990.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	8.20E-01	1.43	129	4	4	2h	0h	128177	125215	142808	242864	170518	151312	154223	120405	143598	92898	250062	151477	170192	178937	92799	171832	160517	143055	195354	160864	116103
ATG918190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.20E-01	1.28	266	5	4	24h	4h	180718	390551	477875	373462	372841	299205	329754	504430	337668	584922	292956	432038	420483	462425	381564	413315	407222	383782	397342	348756	588039
ATG936160.1	Tyrosine transaminase family protein	8.21E-01	1.65	215	4	4	24h	4h	55315	179398	245221	173183	110684	111098	82898	119486	107239	347054	68850	167253	215728	202068	193096	170002	187503	120287	178809	158143	304145
ATG937760.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	8.22E-01	2.86	23	1	1	24h	10h	1992	4443	0	4254	1633	2202	9808	1519	5132	223	4429	2395	6219	650	1927	4865	0	1143	10460	6715	0
ATG122701	Hop1 - stress-inducible protein, putative	8.25E-01	2.26	247	4	4	10h	6h	107467	151746	151862	141774	205778	294193	150531	166903	198356	231445	252286	185874	121838	193366	196500	653022	84142	193247	207516	121150	202035
AT4G68810.1	RADC1B, RAD23C - protein for activated C kinase 1B	8.25E-01	1.56	329	8	2	4h	0h	1226990	53367	120647	82792	113713	61096	132891	84535	92507	113713	71041	176316	137811	111445	105880	67202	53367	102026	91383	109773	88910
AT1G76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	8.26E-01	1.16	250	4	4	6h	4h	14228959	15070638	11286762	10193446	11757114	13226694	8595671	13485811	13007005	14713257	12495596	12111639	12791513	12413872	12388288	10729919	14501228	12002463	11118830	12251652	13397020
AT4G36800.1	RCE1 - RUB1 conjugating enzyme 1	8.26E-01	1.65	46	1	1	4h	0h	14273	12126	14757	15286	10544	8299	9915	27037	10823	30350	3706	7797	10019	15976	10811	12829	20918	7385	12261	14491	16820
ATG942590.1;ATG42590.2;ATG42590.3	GRP9, GRP7 - glycine-rich RNA-binding factor 9	8.27E-01	1.12	608	9	8	6h	0h	2285018	2329604	2580984	1942505	2209347	2615951	2329969	2356859	2164647	4209994	2001030	2123133	1903896	2075211	2343918	1911125	2229387	2499220	2194035	2151103	3212974
ATG935490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	8.27E-01	1.27	228	4	4	6h	0h	257227	317977	167834	338825	218436	298061	335777	311516	288465	342851	368269	230037	286686	254016	325345	408759	257575	210169	252020	309063	226938
AT1G04410.1;ATG05670.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	8.27E-01	1.23	1164	17	7	4h	0h	12770565	10217317	10517646	9801581	11649148	16225360	12070192	15170182	14095658	11862197	11863588	9750694	12766783	9622836	11583823	13990188	9916940	9866810	11501057	14138700	10174026
AT1G62960.1	ACS10 - ACC synthase 10	8.27E-01	1.87	21	1	1	6h	6h	122532	227789	100441	153672	171167	76111	252142	100417	132047	171573	90175	86988	127961	158887	99179	122328	63583	20050	195403	175364	78478
AT4G27650.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	8.27E-01	1.19	356	6	6	2h	8h	892674	734724	605119	768261	568883	690558	822898	665442	675001	482081	740579	673673	590858	634469	656384	714900	709991	635130	782089	761017	530870
AT4G02080.1	ASAR1, ATSAR1C, ATSAR2, SAR2 - secretion-associated RAS super family 2	8.28E-01	1.94	31	1	1	4h	0h	154301	35409	31330	87094	39258	68917	72115	46040	48674	92432	48647	51099	43460	33238	36975	67949	35941	50721	45665	64672	56776
AT1G14910.1	plastid development 2, putative	8.28E-01	1.34	225	3	3	4h	0h	706311	660900	493979	602437	537515	683007	505700	736328	609705	756255	450382	626555	406801	641387	513331	610237	520713	551024	620731	565624	596832
AT1G75330.1	OTC - ornithine carbamoyltransferase	8.28E-01	1.45	115	2	2	2h	0h	402914	415355	655303	346301	282862	385102	367003	417346	339416	566226	219798	426712	406916	347226	450558	400159	314378	481241	321371	355290	737141
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	8.29E-01	1.20	76	2	2	2h	0h	326180	340116	294950	258858	332036	216469	253800	303773	358830	347872	312461	237198	336330	296621	301630	317649	329856	244217	323982	239321	245896
ATSG28500.1;ATSG28500.2	unknown protein	8.30E-01	1.19	306	6	6	24h	4h	1573366	1303500	1253575	1189227	1186136	1196198	1640295	1275663	1232270	760164	1783033	1214464	1256737	1488395	1295316	1229415	1309157	1144371	1099969	1436984	935272
ATG602201	ATLA, TLO - ATMACOS ON LEVADURA 4	8.31E-01	1.86	22	1	1	24h	4h	51831	57703	12450	17142	43405	41290	16519	40603	70349	20087	32843	68395	33036	30133	2583	19589	6802	20674	36820	34050	20405
AT3G16850.1	Pectin lyase-like superfamily protein	8.31E-01	1.25	32	1	1	4h	0h	46556	32840	39069	39207	43266	25791	42526	44128	33248	27808	36800	34712	41121	29907	34678	34887	38170	37715	48030		
AT1G18640.2	PSP - 3-phosphoserine phosphatase	8.31E-01	6.54	24	1	1	4h	8h	29511	11325	16850	7216	17366	14813	250794	9243	7983	14338	22024	11849	7909	9188	14304	143896	11578	9990	7754	11106	16529
AT1G14685.1	RPC2, BRH2, ATRPC82 - basic pentacysteine 2	8.31E-01	1.25	21	1	1	4h	4h	249208	213307	193477	196684	222522	226756	181456	185267	189477	209472	258227	243971	208484	187763	220627	125955	239410	221658	241914	244981	
ATG358301	Ankyrin repeat family protein	8.31E-01	2.02	291	1	1	8h	8h	356731	402291	197013	510236	8078	141108	3607	490437	418315	473010	6686	442947	502431	274228	345914	12521	253038	252727	549183	239926	283151
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	8.31E-01	1.16	1355	20	16	6h	0h	107016195	95672830	57358627	85187457	78326832	106750970	79582335	88018365	93246487	109195385	101136294	91486384	92773115	87346866	98452372	85615661	83731097	91344869	82968588	94274527	102402907
AT4G21030.1	AMP-deaminase and ligase family protein	8.31E-01	1.80	25	1	1	24h	8h	8774	21743	14835	28974	22774	14504	20618	18061	45582	6108	24754	15560	35169	14151	38965	16546	20216	16582	20250	5714	
AT4G76380.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	8.34E-01	1.38	273	3	3	24h	10h	86556	71217	90273	92303	86403	83020	84119	56763	63802	68289	75148	67827	60812	65172	100005	51208	76264	62820	50352	112162	100959
AT3G13235.5;AT3G13235.1	ubiquitin family protein	8.34E-01	1.43	139	3	3	2h	0h	77572	68116	74016	89895	79829	124171	114834	66725	91574	38487	121007	107848	118235	91695	58168	77587	82617	78577	106062	54265	44530
AT5G61400.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	8.34E-01	1.27	25	1	1	2h	0h	95834	48988	60974	122416	74666	63713	90102	72755	84300	69309	89935	79043	73227	71105	66516	68531	72848	78700	79486	102693	56478
AT5G42190.1	ASK2, SKP1B - E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein	8.35E-01	1.16	73	1	1	2h	10h	34894	49344	36260	46212	39965	51380	40331	49305	43138	56564	29864	32152	45866	42931	41494	35527	46595	36308	39973	38493	47255
AT3G43980.1	Ribosomal protein S14p/S29e family protein	8.36E-01	1.82	33	1	1	4h	4h	44153	34768	65718	32569	93556	45546	16388	46508	63947	13222	138815	50440	63828	101202	66245	66146	74186	49150	29649	96639	21396
ATG538470.1;ATG538470.2	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	8.36E-01	2.36	28	1	1	4h	4h	12717	21346	30636	4328	36688	37020	29510	9755	11160	34672	18441	14910	16834	26485	34735	27892	12222	27949	14364	49554	54949
AT4G08360.1	KOW domain-containing protein	8.37E-01	62.79	20	1	1	4h	8h	1098	94	22	206	2181	3420	106038	503	352	726	8119	1147	840	738	124	9053	346	354	611	2256	825	
AT2G44920.2;AT2G44920.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.37E-01	1.24	276	3	3	6h	0h	2511158	2361557	1330264	1789958	2071382	2265751	1908343	1864783	1898903	2204453	2699470	2112102	2132716	2067398	1924315	1679340	2186532	1945749	1633738	2374478	2089649
AT4G16140.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	8.37E-01	1.33	178	3	3	6h	0h	100960	218127	59043	199840	203192	226655	204524	197809	219636	256979	228418	225209	207366	191146	186110	159061	200120	261260	208486	212219	
AT4G47470.1;AT4G47470.2;ATG47470.3;ATG47470.4	ATPDIL2-1, LNE5, MEE30, PDI11, ATPDI11 - thioredoxin family protein	8.37E-01	1.27	215	5	5	2h	8h	569254	355794	361915	619050	359263	401678	516087	414332	364397	335486	463008	352611	375978	341307	367275	550373	365082	446780	435162	475567	295130
AT1G77510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDI6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	8.40E-01	1.62	215	4	2	24h	0h	76511	48879	74106	89661	66925	71082	98790	53642	93873	81750	115420	34789	119686	84461	70714	96962	65929	58451	149646	121284	52918
AT2G28605.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	8.41E-01	1.25	137	3	3	6h	4h	160204	177819	109193	153326	151533	179993	132091	156306	129105	144163	215759	161864	195491	130015	137367	168624	169369	117409	176297	157848	143198
ATG548160	DPE1 - deposition-related protein 1	8.41E-01	1.27	79	2	2	4h	0h	84287	25715	164415	127643	214601	105465	209571	185244	168474	111774	211302	152403	154391	203342	200955	119333	181126	140318	166045	221892	137703
AT2G25080.1;ATG31570.1;ATG31870.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	8.42E-01	1.20	504	10	9	6h	2h	2672694	2723678	1651317	2007554	2098898	2640575	2096541	2624288	2237893	3173786	2587868	2333113	2608442	2148142	2310179	2262792	2357017	2161878	2023591	2438566	3002388
AT2G42540.1	COR15A, COR15 - cold-regulated 15a	8.43E-01	1.36	131	3	2	4h	4h	236995	445502	175570	242373	264153	305576	242559	372909	281409	138256	384940	249102	230611	207319	244489	281704	232483	331319	310104	152829	197160
ATG208401	RPL23.1, RPL23 - ribosomal protein L23.1	8.43E-01	1.30	23	1	1	2h	0h	38168	30489	37090	38705	23226	31962	19595	28468	34129	18764	36161	29154	27114	36673	35911	34040	27052	49532	31116	36424	30807
ATG43060.1	Granulin repeat cysteine protease family protein	8.43E-01	1.30	64	2	2	4h	8h	33583	38831	49320	30092	39564	39979	39995	33632	30367	27604	36876	37735	21498	31006	41384	28195	39669	27541	26968	29224	55730
ATG316240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	8.44E-01	8.56	25	1	1	2h	2h	8576	25719	9640	14748	37366	13932	6867	26928	14669	19550	7354	15712	30143	17361	13416	17651	22550	14430	6480	13796	23690
ATG576101	ACS5 - ACC synthase 5	8.44E-01	1.08	821	15	15	2h	2h	2654450	2698807	2461862	2325203	2458785	2454849	2741283	2276814	2546578	2534024	2672669	2295960	2547310	2335018	2496223	2755073	2333505	2571830	2124334	2511162	2827276
ATG590220.1	ARM repeat superfamily protein	8.44E-01	1.62	26	1	1	10h	0h	115461	240695	354322	261627	306929	262835	131697	447132	354586	646828	127947	292858	338343	371492	261182	425400	352371	373360	279915	259221	345748
AT2G38680.1	5'-nucleotidase;magnesium ion binding	8.45E-01	1.93	46	2	2	2h	4h	43145	66247	82458	27776	78860	98403	39114	53122	51831	62901	41130	67762	49501	50713	96342	56635	56083	58110	41348	83814	152462
AT5G49460.1	BCS1B-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	8.47E-01	1.50	676	9	9	2h	2h	58246	74058	116392	44226	65449	56236	46296	57270	53535	85372	80053	54400	50523	34392	110695	85612	54015	71759	49380	87323	83550
AT4G22810.1	CSD2, CZSOD2 - copper/zinc superoxide dismutase 2	8.47E-01	1.28	548	7	7	6h	8h	23560713	23198284	12799374	21564796	22558269	15268153	22161917	16966972	19524186	21734534	24593859	20516300	18460929	21127312	12761560	19428912	19424434	14845876	23414913	23773793	14797506
ATG563101.1;ATG56310.2	Meiblisse family protein	8.47E-01	1.07	107	2	2	2h	0h	340216	299122	195591	263940	259770	239237	292523	213405	275204	133918	327380	243381	228701	228364	231080	210705	250150	192696	262496	219254	209360
AT4G26900.1	SK11, ATSK11 - SKP1 interacting partner 11	8.48E-01	2.21	41	1	1	10h	0h	6283	10850	10722	4584	15575	17917	8361	19465	9474	20858	3995	9608	9892	18422	43645	11875	11344	9326	5204	17716	42292
ATG26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	8.49E-01	1.70	35	1	1	2h	0h	138785	191731	35825	124134	229518	89624	92942	109952	96253	91252	217756	164833	151096	114688	66525	74519	134868	69718	61114	90611	171704
ATG13350.1	Auxin-responsive GH3 family protein	8.49E-01	1.28	77	2	2	6h	2h	26939	32772	16387	36622	18232	31124	18739	23866	24429	24333	16666	21429	25133	21656	23367	37598	15820	21632	22614	26109	25186
ATG946201	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	8.50E-01	1.25	120	2	2	6h	6h	305447	259794	203479	205742	220544	268954	291605	220492	234440	153343	268877	194700	207373	235459	248785	210358	251359	193209	236874	301026	153294
AT4G12310.1;ATG61210.2	ATBETA-AMY, AT-BETA-AMY, RAM1, BMY1, BAM5 - beta-amylase 5	8.51E-01	1.57	506	8	8	6h	8h	241753	1058670	656841	271817	706641	768698	857192	899074	739314	562274	1525605	887020	376183	452023	523149	468830	602093	724211	694152	615155	785892
AT2G37036.1	F-box family protein with a domain of unknown function (DUF295)	8.52E-01	1.45	141	3	3	24h	4h	22934	26917

AT4G18440.1	L-Aspartase-like family protein	9.64E-01	1.17	913	16	10	24h	8h	2974363	4606451	4397957	2903636	3481125	5493268	3715475	4053801	4251894	5196310	2999206	4535465	3908420	3015408	4369558	4569642	3645841	4627414	4297685	3780196	5167597
AT4G16490.1	ATSFH12, SFH12 - SEC14-like 12	9.66E-01	2.94	20	1	1	2h	6h	721	30926	26974	89894	6428	1332	1381	21981	19610	1426	4802	26985	32676	25020	16055	1212	27686	28139	34928	27717	2297
AT4G34870.1	ROC5, ATCYP1 - rotamase cyclophilin 5	9.66E-01	1.10	520	9	7	6h	24h	6803560	6926689	5577126	6732146	6716466	6373925	6356702	6875299	5877398	6841853	7506106	6086086	6861176	7113180	5966087	6198018	7813606	5365652	6471162	7218771	4877648
AT2G39020.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	9.66E-01	1.45	30	1	1	0h	10h	27706	13489	8415	20253	15029	7730	16215	12030	7996	24366	11899	11081	15399	15335	6588	9868	12756	11607	12471	8183	16324
AT1G70810.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	9.67E-01	2.05	29	1	1	24h	0h	2820	6208	2981	6735	3685	4529	8550	3546	6039	9209	3573	4565	2597	2619	9831	7180	3845	7615	13044	10266	1262
AT1G30911.1	Molybdenum cofactor sulfurase family protein	9.67E-01	1.37	31	1	1	10h	8h	71661	66037	143312	66640	73556	107291	72824	111548	88453	176236	42658	50804	69722	81184	80822	133691	79576	103760	63945	53713	162242
AT1G12900.1	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	9.68E-01	1.31	2437	31	5	24h	2h	8338828	8885458	15244741	8140640	9347436	11947367	8378323	11906846	10472597	17933759	7900551	9580729	9257634	10131668	11143089	12485933	9575418	12449001	8830296	9934837	19759896
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	9.68E-01	1.38	189	5	5	6h	4h	195102	108308	180323	130768	112817	152084	111757	149827	99296	261064	79209	156299	141893	117880	130016	167418	107306	131198	115845	96374	278139
AT5G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	9.68E-01	1.14	118	2	2	6h	0h	116301	130220	110134	130038	148493	123250	154022	132367	107945	181505	100053	125137	123391	100734	151471	125409	131046	110059	120142	131505	125821
AT4G00570.1	NAD-ME2 - NAD-dependent malic enzyme 2	9.68E-01	1.22	441	9	8	4h	6h	558179	329667	239354	409052	344620	303250	497411	309945	358393	227886	405063	322493	402845	146636	367312	371904	340422	286728	434121	392178	214247
AT1G13520.1	Protein of unknown function (DUF1262)	9.69E-01	1.69	21	1	1	0h	24h	227712	71422	75975	94555	127259	90194	41396	107362	101395	65210	268944	32400	53624	145012	73413	145123	96190	52501	94950	93709	32975
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	9.69E-01	1.10	2428	29	29	6h	8h	38921501	49256318	49674579	44741678	48609119	47058918	50195373	44277831	45408080	63216345	41322736	46297244	48096124	45555418	43140174	49432547	44826620	46777334	45790027	44071987	47616484
AT4G36400.1	FAD-linked oxidases family protein	9.69E-01	1.24	56	1	1	0h	10h	15315	33158	26790	21670	28396	16624	15722	31649	23264	29158	7244	25516	19693	23279	24479	19475	18091	23159	22425	16260	26303
AT5G25770.1,AT1G13280.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	9.70E-01	1.30	69	2	2	10h	2h	34092	48402	29369	31900	40907	22920	39978	32198	51070	4141	60066	59313	33067	44367	25799	55571	40773	28145	50030	39655	19487
AT3G30695.1	unknown protein	9.70E-01	1.14	101	2	2	4h	2h	62178	67842	50629	60508	43851	61606	59027	67197	61844	39908	71044	60088	64331	62908	56488	74445	59366	44190	63154	66287	44915
AT5G06510.1	DNA-binding enhancer protein-related	9.70E-01	1.21	70	1	1	6h	0h	14419	19979	10755	23520	14449	11830	11618	19826	17157	16584	19728	18426	13903	20143	19009	20049	9821	23919	18449	17650	15585
AT5G66550.1,AT2G25500.1	Mal-like protein	9.72E-01	1.19	79	2	1	4h	2h	62575	68447	36934	54178	52871	51267	63902	80489	43588	55316	46502	64448	60069	66930	46860	49430	67864	44569	59841	45110	55608
AT1G27450.1,AT1G27450.3,AT1G80050.1	APT1, ATAPT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	9.72E-01	1.11	353	6	5	0h	6h	1698027	1558941	1470592	1641625	1409202	1303099	1649303	1336008	1521715	1473509	1341241	1427556	1507589	1519391	1435863	1750942	1519512	1213545	1755537	1586669	1141542
AT2G44480.1,AT1G29965.1,AT1G29970.2	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	9.72E-01	1.62	34	1	1	6h	24h	24293	25941	47020	21655	46628	31485	31360	37521	28718	15242	68415	45959	30491	55726	18362	31554	22946	37718	17776	43195	38952
AT1G58380.1,AT3G57490.1	XW6 - Ribosomal protein S5 family protein	9.73E-01	1.36	110	4	2	6h	0h	181084	199753	260082	195861	401969	148678	255497	220002	200041	128057	404222	349306	278163	372510	213977	156769	285367	288768	242332	327437	183854
AT5G43500.1	ATARP9, ARP9 - actin-related protein 9	9.74E-01	1.16	21	1	1	24h	2h	130747	169301	233635	157585	175522	173253	177857	201563	155837	284876	82897	150074	173455	159855	179503	179492	178882	195656	164083	160767	264154
AT5G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	9.75E-01	1.55	410	6	3	6h	24h	157136	326345	319173	368423	535146	269409	266986	431662	403146	104498	754867	450339	391946	483536	214341	344772	396582	419683	319037	358393	169561
AT2G41530.1	ATSFGH, SFGH - S-formylglutathione hydrolase	9.75E-01	1.12	360	7	7	8h	6h	592224	841005	796401	999046	681784	593792	660587	773249	830291	603184	897241	727271	821380	883878	782242	728160	996716	678601	718667	880503	641479
AT1G59700.1	ATGSTU16, GSTU16 - glutathione S-transferase TAU 16	9.76E-01	1.15	202	1	1	24h	4h	44496	83584	73604	63015	65770	62724	56325	71946	59656	90381	32698	73656	83221	57657	73318	70387	68824	48864	82268	64811	69208
AT2G17870.1	ATCSP3, CSP3 - cold shock domain protein 3	9.77E-01	1.18	180	4	4	8h	2h	226301	212700	90267	182531	160077	171919	221016	196215	150767	76149	273568	190467	190652	232091	186374	186024	204501	192892	197483	256769	110890
AT1G26630.1,AT1G13950.1,AT1G26630.2	FBR12, ATEUF5A-2, EUF5A-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	9.78E-01	1.10	737	11	9	10h	24h	14573080	10799947	10866906	11813278	11281885	11367581	11637723	12385380	10698018	16081588	8831915	11571571	11975901	12499991	11285869	13028915	12780677	12021392	10948900	11408030	11949976
AT2G31750.1	UGT74D1 - UDP-glucosyl transferase 74D1	9.78E-01	1.08	78	2	2	8h	0h	461524	331261	309305	403421	365052	336718	459560	367900	354756	391813	440829	307630	462201	396118	334802	404546	353117	361052	412252	410983	357096
AT2G14170.1,AT2G14170.2,ATG14170.3	ALDH6B2 - aldehyde dehydrogenase 6B2	9.78E-01	1.47	64	1	1	24h	10h	46635	25790	82212	41102	33631	43687	28215	52616	49362	92470	7686	42057	46175	22731	38446	34244	32584	40422	33929	29368	94681
AT1G66200.1,AT1G66200.2,AT1G66200.3	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	9.78E-01	1.09	2100	24	7	0h	2h	11959900	10171781	10539774	9882487	9847430	10222552	10666075	9509288	10149205	14105992	8097801	10097170	12763680	9566961	10315047	11782456	9012889	10005890	10461578	10143762	10023168
AT1G11660.1	heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	9.79E-01	1.58	48	1	1	6h	8h	10975	17685	20129	15413	10272	17218	13435	24629	16766	40427	7602	16204	10799	15535	14248	26995	12070	16754	17116	8702	25891
AT1G07460.1	SIRANB9 - Plectin/in homology (PH) domain superfamily protein	9.81E-01	1.16	389	5	4	4h	2h	1790587	1092091	1139136	1278333	1144270	1159230	1605900	1032968	1515331	801418	1831273	1265618	1389376	1531764	1177679	1438785	1126057	1202082	1263747	1260224	1146190
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.82E-01	1.07	1349	12	10	10h	24h	16767317	13444321	15233850	15510852	13720882	14212946	17153464	14331148	13341180	16994988	12616436	15130665	16606798	14496285	14129094	15539104	14262392	16075125	13753039	15561252	13610104
AT1G22940.1	TH1, TH-1, THI1 - thiamin biosynthesis protein, putative	9.82E-01	1.43	79	2	2	6h	6h	24230	31660	38050	39187	24436	21778	22251	39091	33107	71864	18230	30943	26528	27523	31868	38484	28140	28372	28614	22800	32947
AT5G48220.1,ATG48220.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	9.83E-01	1.08	458	10	9	6h	10h	513365	542197	464730	472755	486775	468342	521384	513887	449814	371938	629016	526933	532339	453228	433162	457488	477591	474711	484361	557950	374976
AT5G06570.1	CLPY1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	9.84E-01	1.14	265	3	3	6h	10h	2117004	1854188	1121332	1792347	1550046	1691010	1739540	1814108	1545551	2528125	1447115	1612650	2007403	1512731	1529339	1543177	1854234	1493569	1692600	1755706	1994248
AT4G05450.1,ATG21090.1	ATMFDK1, MFDX1 - mitochondrial ferredoxin 1	9.84E-01	1.29	28	1	1	6h	4h	29511	16011	14067	32163	18920	17307	21144	17261	18247	11056	39805	22476	28494	18551	20923	19347	21254	18561	26659	15934	14991
AT5G64640.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	9.84E-01	1.16	26	1	1	4h	6h	73985	43784	21105	49786	39356	46999	49282	50949	38881	15345	57888	46904	46087	38231	49346	40431	41219	41967	57799	53787	23182
AT5G35190.1	adenylate kinase family protein	9.85E-01	1.24	132	2	2	4h	10h	108647	241584	101815	145239	125755	132657	121011	214364	144576	209104	89149	125375	140129	138051	137732	142528	133449	111751	127942	146181	164444
AT2G28870.1	unknown protein: Has 34 Blast hits to 34 proteins in 9 species: Archae - 0: Bacteria - 0: Metazoa - 0: Fungi - 0:	9.85E-01	1.76	22	1	1	6h	24h	34467	20554	21658	22542	21952	26385	29786	22810	17937	11073	77120	17195	13817	36993	20134	18823	38560	18653	26431	25899	7570
AT1G75690.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	9.86E-01	1.31	106	1	1	6h	0h	43162	38777	9343	47292	33219	30117	30135	30279	39698	3683	72409	43358	43553	35307	20024	27934	37094	31813	54938	29135	30225
AT5G45030.1,AT3G47370.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	9.86E-01	1.16	223	5	5	2h	24h	700506	787443	696068	765079	905294	754797	828790	744714	689821	282718	1235423	854552	818361	825337	702998	780906	640433	983736	673594	617693	801030
AT2G39770.1	CYT1, VTC1, SOZ1, EMB101, GMP1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	9.87E-01	1.61	186	4	4	24h	2h	43146	95154	90890	84681	51878	66117	75608	103091	78994	198231	25596	101268	90977	70466	73905	63127	106758	72970	70218	62167	193641
AT3G12930.1	Lojap-related protein	9.87E-01	1.20	27	1	1	4h	0h	14293	17318	37376	23442	30567	25218	23017	33043	26681	45507	15646	19866	16503	25948	38216	25359	22814	25503	17927	21483	41762
AT1G54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	9.88E-01	1.28	204	1	1	24h	0h	337781	613309	586702	525395	592793	606893	642305	766518	547762	1061582	282462	575757	493477	562448	569089	540792	664449	530254	497082	532978	944881
AT1G70890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	9.88E-01	1.16	148	3	3	2h	10h	383737	321608	267852	294787	296113	525691	376604	253856	349582	280974	182695	330168	372635	253989	423338	290857	305436	367324	304398	385711	362228
AT3G70410.1,AT1G22730.1	ATBCA4, BCA4, CA4 - beta carbonic anhydrase 4	9.88E-01	1.11	483	8	8	6h	24h	1423611	979703	768025	1236366	1136812	995976	1258188	973544	1018202	1069774	1455235	850986	1235576	1031792	990940	1098526	1016383	960791	1117620	1084657	849950
AT2G42810.1,ATG42810.2	PAPP5, PP5 - protein phosphatase 5.2	9.88E-01	1.48	107	2	2	8h	2h	11185	22312	46192	22105	15618	24725	9901	49050	28319	48564	6122	31564	26139	42000	24462	21449	39059	28707	27764	10363	52603
AT1G05560.1	UGT1, UGT75B1 - UDP-glucosyltransferase 75B1	9.89E-01	1.16	284	4	3	24h	10h	92452	69254	70444	66045	71197	84667	117753	79275	48914	55444	94074	77137	104039	49344	61871	97240	59656	57585	103387	82068	64410
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	9.89E-01	1.22	766	12	12	6h	8h	3315636	2400022	3197925	2499254	2397062	3212123	2373124	3166444	2593266	4565518	1918012	2466585	2147396	2287481	2922680	3160819	2014470	2702158	2249469	1945941	4452061
AT3G20970.1,AT3G20970.2	NFUA, ATNFU2 - NFU domain protein 4	9.90E-01	1.30	94	2	2	24h	2h	68231	69792	85027	67851	73261	76900	48766	113063	93143	113048	77008	53861	63132	89338	76974	87998	64583	85167	62202	71446	142211
AT2G45300.1	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	9.90E-01	1.47	507	8	1	24h	8h	19164	20441	146079	69591	51666	78521	36050	94118	55447	120157	15729	32710	28698	75659	74901	35110	62791	87909	40428	28209	194366
AT3G07310.1	Protein of unknown function (DUF760)	9.90E-01	3.98	22	1	1	6h	8h	7201	19921	14359	29623	8974	19497	8072	17354	22840	122293	1088	25771	21575	8405	7532	19827	11072	19177	14227	10894	75050
AT1G12050.1	fumarylacetoacetase, putative	9.91E-01	1.11	198	5	5	8h	6h	322349	396341	464439	454261	405775	351131	528006	292036	341708	385583	297941	411853	435694	411242	368167	302456	436565	424046	322884	509593	299060
AT1G17310.1	ATXRS-1 - lysyl-tRNA synthetase 1	9.91E-01	1.14	437	9	9	8h	0h	548592	497367	287029	515360	473837	397843	538508	480732	416011	295881	680849	509230	574829	507494	434570	504569	500238	420795	558066	530310	380953
AT5G03350.1	Legume lectin family protein	9.92E-01	1.62	196	3	3	2h	0h	164087	150647	119093	184884	76886	439745	168342	163422	174876	245936	50175	232877	216596	63254	229760	184758	61664	272037	270921	129520	206351
AT3G58990.1	IPMI1 - isopropylmalate isomerase 1	9.92E-01	1.26	222	3	1	6h	0h	22227	21643	49638	45695	26850	26708	33506	18478	44233	55982	31042	31172	44861	24892	39030	50079	11415	50892	39805	26186	31650
AT4G20620.1,AT4G20600.1	Amino acid dehydrogenase family protein	9.92E-01	1.12	150	3	3	6h	4h	137122	163455	147413	122873	162593	157223	116501	136582	126905	25801	252047	215315	125710	206769	123397	190594	115740	122222	122919	119142	145277
AT4G34120.1	LEI1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	9.94E-01	1.08	218	4	4	24h	8h	1015500	1089745	859781	966514	965154	878597	919581	992743	901155	720732	1233282	979514	1070095	766422	951326	993564	966472	878631	1191338	925339	894439
AT1G27385.2,AT1G27385.1,AT1G27385.4	unknown protein	9.95E-01	1.28	56	1	1	6h	2h	34723	76850	99781	55748	68325	63461	54712	95723	72549	127925	37311	75178	67636	65188	81542	77518	73820	72236	61896	53793	116825
AT1G54580.1	ACP2 - acyl carrier protein 2	9.95E-01	1.33	54	1	1	24h	0h	231360	242390	417243	295862	290793	314730	240991	390748	282852	575294	111675	311786	263331	279192	354499	274111	308240	347104	214317	294338	673746
AT4G51000.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.96E-01	1.35	41	2	2	6h	8h	97586	66920	95249	91138	71135	89670	62185	89301	77655	171523	47120	72731	64493	61774	89321	102613	80385	64080	52712	65010	171372
AT3G10520.1	AHB2, GLB2, ARATH GLB2, NSHB2, ATGLB2, HB2 - haemoglobin 2	9.96E-01	1.07	177	5	4	6h	24h	600831	443641	393112	492645	487287	445414	567876	409481	438650	565340	449436	493337	545058	417720	465256	488090	487131	448934	469874	519087	417225
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	9.96E-01	1.13	1369	23	10	0h	8h	4433566	3539835	5399567	4015151	3958730	4680116	3779361	4958934	4374010	6439456	2888626	3587190	3741324	3968793	4145362	4454069	4195702	4166223	3434601	3801056	5765739
AT5G65010.2,AT3G47340.1,ATG10240.2,ATG	ASN2 - asparagine synthetase 2	9.97E-01	1.10	650	14	8	6h	8h	2258490	1520828	1616148	2328081	1592112	1551471	2295308	1460044	1619006	1817730	2112979	1681867	2245624	1480802	1388679	2209353	1553762	1528914	2326606	1690495	1539176
AT1G74990.1	RING/U-box superfamily protein	9.98E-01	1.70	25	1	1	6h	8h	2661	5288	12170	7110	4298	3907	7583	3689	3103	17052	3104	4229	5162	4403	4805	5360	2526	9354	2337	3786	12812
AT3G05180.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	9.98E-01	1.67	56	1	1	6h	4h	3671	9709	16685	7045	9198	11166	4280	15897	5958	30439	797	12450	7180	10414	10523	5748	10785	11263	4886	9962	22151
AT1G13320.1	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	9.98E-01	1.38	137	2	1	6h	2h	2724	4834	6745	6214	3972	3017	4083	6989	4362	12057	1909	4193	4705	5087	3746	6925	5184	3066	4937	4653	6033
AT1G48850.1,ATG48850.2	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	9.98E-01	1.08	449	7	7	6h	6h	1049275	1149700	1052814	994894	1069997	1054699	1134728	1012221	1137007	849188	1412393	1121766	1225407	1087148	869884	1072048	1085203	1000932	1279377	1152494	834461
AT5G55040.1	GSTL2 - glutathione transferase lambda 2	9.99E-01	1.05	536	7	7	6h	4h	952661	975329	1066964	1051520	883915	1162304	1034045	975662	971939	1046707	1222593	852552	1180232	847327	963062	1060461	938730	986758	1031355	993823	972443
AT5G47560.2,AT3G47590.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.99E-01	1.29	62	1	1	0h	6h	22254	46884	34535	49536	32256	34312	72871	15819	47461	16939	54632	38368	39821	34784	35846	40498	35505	35349	40408	37818	31782
AT3G47100.1	unknown protein: Has 1 Blast hits to 1 proteins in 1 species: Archae - 0: Bacteria - 0: Metazoa - 0: Funai - 0: Pla	1.00E+00	1.19	30	1	1	6h	4h	102715	104813	188962	136756	124834	106565	119900	127617	111139	196849	70504	158753	120556	111866	142725	143470	107953	145538	98970	85459	223398
AT4G13360.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	1.00E+00	1.05	152	3	3	6h	2h	246397	365349	308966	296197	295472	290793	293368	323949	301322	404503	210462	314462	301819	268844	312287	341826	287774	290838	330368	240648	352659

Tabelle B8-a: ein2 DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

										Normalized abundance													
										0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
AT5G20960.1	AAO1, AO1, ATAO, AT-AO1, AOalpha, AtAO1 - aldehyde oxidase 1	7.04E-12	Infinity	50	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9453	13152
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	8.74E-09	Infinity	165	2	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12399	32687
AT1G21240.1	WAK3 - wall associated kinase 3	2.95E-06	Infinity	31	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4001	33574
AT5G40760.1	G6PD6 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 6	7.45E-05	19.66	51	1	1	24h	2h		11153	10169	1885	1225	8300	13910	17302	13975	11753	16165	10294	13419	28770	32355
AT4G27260.1	GH3.5, WES1 - Auxin-responsive GH3 family protein	1.09E-04	Infinity	46	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1236	38543
AT1G75270.1	DHAR2 - dehydroascorbate reductase 2	1.11E-04	Infinity	34	1	1	24h	2h		1353	4566	0	0	1246	7358	3894	10139	3791	2453	5592	2104	13483	1938
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	1.22E-04	Infinity	25	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	556	57	0	0	0	0	1234	23004
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	1.65E-04	3.92	1436	18	12	24h	0h	AT4G26530.1	4301345	4394447	5002526	4444715	4764207	4340691	4648232	4789702	4679480	4213796	6276231	4421102	14523660	19605001
AT5G56350.1	Pyruvate kinase family protein	1.68E-04	4.15	246	5	5	24h	2h	AT4G26390.1	265115	316288	264313	287533	273345	285311	318114	345202	332192	356134	348525	223696	1052144	1237040
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.45E-04	2.82	393	7	6	24h	0h	AT5G65750.1	435891	468948	449100	489046	505157	583851	545335	594682	643012	585496	569338	456232	1141780	1412156
AT1G26390.1	FAD-binding Berberine family protein	3.07E-04	29.20	350	6	2	24h	2h	AT1G26400.1;AT1G26410.1	8792	13882	7469	13346	9775	17112	14696	11028	8027	13819	10628	17456	214251	393471
AT2G45220.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	3.77E-04	34.31	457	6	6	24h	10h		90005	52014	44545	47662	35077	64529	36137	61561	67974	77403	45082	27917	754342	1750540
AT2G47510.1	FUM1 - fumarase 1	4.35E-04	2.38	285	4	4	24h	6h	AT5G50950.3;ATSG50950.1	247228	227869	241272	271573	240879	300783	228281	227849	318108	264631	330348	325182	507422	577650
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	5.47E-04	7.35	215	3	3	24h	0h		47385	50298	52266	45986	51273	54969	68079	55575	48190	96844	65970	47060	306606	411544
AT5G63680.1	Pyruvate kinase family protein	5.54E-04	4.17	151	4	4	24h	0h	AT5G08570.1	129330	127962	185476	154566	199657	152442	176344	210356	194098	157197	155607	145948	439837	632905
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	6.72E-04	2.09	23	1	1	24h	2h		289788	240052	211621	227734	241559	241062	254597	261534	211488	257442	269354	241926	443563	475476
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	6.76E-04	3.10	94	2	2	24h	4h		136276	153518	141758	144198	103749	108207	124071	159715	116162	153949	122058	109442	293605	362632
AT4G25810.1	XTR6, XTH23 - xyloglucan endotransglycosylase 6	1.03E-03	21.06	42	1	1	24h	0h		8650	14228	14022	19133	14091	11863	15111	13280	13382	30691	14567	8576	145292	336559
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	1.09E-03	4.12	562	9	9	24h	0h	AT3G52990.2;AT3G52990.1	437229	510375	551684	729188	548730	518355	517861	587956	663528	618772	644104	392562	1696921	2202926
AT3G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.12E-03	3.24	622	10	10	24h	0h	AT3G53230.1;ATSG03340.1	594040	795440	943571	777271	792302	743440	925176	922225	1072471	996157	1021061	687511	2246142	2258615
AT2G43590.1	Chitinase family protein	1.14E-03	111.80	297	4	3	24h	0h		10563	10833	9081	21286	14967	10685	16463	20428	51023	84655	123010	57809	361246	2030821
AT2G42600.1	ATPPC2, PPC2 - phosphoenolpyruvate carboxylase 2	1.22E-03	Infinity	43	1	1	24h	2h		781	670	0	0	38	0	619	660	1066	782	0	1	1621	31514
AT5G23110.1	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger) family protein	1.22E-03	7.27	26	1	1	24h	0h		11123	10627	18113	11693	17672	20998	25618	15456	15518	17435	27868	16733	83749	74333
AT2G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	1.32E-03	2.53	434	9	8	24h	6h	AT5G06460.1	302327	321216	327132	323759	258310	300323	289961	266535	466754	363133	347270	268528	624900	780430
AT4G20830.1	FAD-binding Berberine family protein	1.32E-03	5.16	152	3	2	24h	0h	AT4G20840.1	31426	31087	29898	39254	27448	35542	37274	33607	27771	40428	44468	25207	137973	184793
AT4G26910.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	1.47E-03	2.75	37	1	1	24h	0h	AT5G55070.1	21405	19769	27004	34512	27562	34612	26839	29746	32692	35947	31250	25497	53829	59577
AT3G11270.1	MEE34 - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.48E-03	4.09	25	1	1	24h	0h		10243	9194	16844	11587	11227	14957	25576	26467	21453	21481	15093	24218	39567	39930
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	1.65E-03	36.28	106	3	3	24h	4h		36470	48446	33227	63192	25607	40795	49338	55194	119448	193110	138153	32073	933449	1475671
AT1G31610.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.67E-03	41.36	30	1	1	24h	0h		1109	1066	2497	1084	3716	1225	807	1405	2731	1771	1431	908	215	553
AT2G17420.1	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	1.72E-03	2.52	201	4	4	24h	0h	AT4G35460.1	305425	367371	326910	391667	333096	346918	406451	387025	413031	446313	417886	292836	777451	918164
AT1G78380.1	ATGSTU19, GST8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	1.97E-03	2.39	336	10	9	24h	6h		2668255	2585763	2163938	2556441	1886499	2684674	2271200	2188061	2673213	2950667	2594593	2191754	4967376	5709702
AT5G02500.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	2.06E-03	Infinity	80	2	2	24h	4h	AT3G12580.1	2763	22926	1729	21814	0	0	1344	917	1820	38621	2101	2119	8167	233007
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	2.26E-03	11.33	219	3	3	24h	0h		54211	35070	61024	56502	50965	55067	71017	89593	107252	86938	88537	34190	356202	655281
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	2.41E-03	2.36	64	2	2	24h	10h	AT3G19480.1	53631	65952	72123	57202	58455	51268	59642	59787	57026	60268	42223	46067	94153	113781
AT1G10700.1	PIKS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	2.43E-03	10.79	100	2	2	24h	4h		12983	22926	13663	21823	12818	11236	17240	15699	19219	22778	14368	12002	72071	187575
AT2G21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.69E-03	2.26	88	2	2	24h	6h		172598	203845	168404	189198	170973	208215	124330	129035	192625	255779	156324	144604	279394	292402
AT3G17390.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	2.72E-03	2.54	245	4	4	24h	0h		1552107	1849973	2181779	2124801	3027140	2403242	3074748	2080500	3193675	3200481	3973995	3505103	4172184	4484031
AT2G31570.1	ATGPX2, GPX2 - glutathione peroxidase 2	2.73E-03	6.45	88	2	2	24h	10h		59966	91311	103267	78064	94735	87821	109640	75864	115053	95932	43384	79493	469269	323827
AT5G19680.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	2.80E-03	6.58	30	1	1	24h	4h		9880	16676	10155	13858	7958	13687	10971	14355	14799	25302	14852	10794	69275	73227
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	3.14E-03	6.45	248	3	3	24h	4h		458202	506352	359315	431293	383832	350324	442887	530296	705645	748745	804825	324856	1929079	2806361
AT1G07141.1	SIRANBP - Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	3.14E-03	Infinity	34	1	1	24h	2h		1710	288	0	2497	1084	1109	3716	1225	807	1405	2731	1771	1431	908
AT1G01560.2	ATMPK11, MPK11 - MAP kinase 11	3.74E-03	2.72	113	2	2	24h	10h	AT1G01560.1	77213	110655	81447	75581	71601	91293	109055	131436	87911	121434	78731	72794	201252	210176
AT1G33600.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	3.80E-03	4.54	63	2	2	24h	4h		20967	23296	11001	16626	10949	15317	24020	18813	25266	25749	20476	17547	43434	75724
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.19E-03	6.04	236	5	3	24h	2h		133530	125754	83451	127091	102518	129691	165162	156880	128849	160795	183774	85500	493480	777726
AT1G68620.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.59E-03	Infinity	85	1	1	24h	0h		0	0	0	0	486	0	0	0	0	0	0	0	13161	37694
AT4G07400.1	VFB3 - VIER F-box protein 3	4.69E-03	7.79	23	1	1	24h	0h		88834	55380	141210	123239	105291	138642	125278	103488	216307	132258	186529	95619	447275	376131
AT2G38860.1	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	4.84E-03	10.42	44	1	1	24h	8h		3316	5428	2591	3492	4375	4084	4643	6099	3187	2059	12893	4491	22063	32588
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	5.00E-03	11.97	433	7	7	24h	4h	AT5G05730.2	113270	135427	107854	151721	67279	120258	109296	135862	186502	267797	281880	106069	755487	1489908
AT5G05340.1	Peroxidase superfamily protein	5.16E-03	Infinity	113	2	2	24h	4h		2432	1319	2215	4942	0	0	0	0	1575	14167	0	1748	108614	184474
AT1G60740.1	Thioredoxin superfamily protein	5.22E-03	22.85	387	7	4	24h	2h		92874	88502	119841	61341	135888	98609	189548	331147	849968	503218	586391	103182	1847835	2292790
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	5.40E-03	8.56	1275	21	20	24h	0h		1395427	1612060	1569471	2004958	1657365	1510986	2017935	2129725	2852472	3008047	4000576	1167159	10689378	15064035
AT5G54500.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	5.61E-03	7.60	453	7	6	24h	0h	AT4G27270.1;ATSG54500.2	648714	808498	708165	834342	692000	778344	627074	1241912	1392043	1361671	1305525	462616	4690388	6384503
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	5.85E-03	11.23	696	10	8	24h	2h	AT2G02000.1;ATSG17330.1	323955	341340	249259	341217	320968	283672	429877	512345	821538	928619	923231	248859	2259043	4369182
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	6.18E-03	2.17	209	4	4	24h	0h		446092	425144	485589	520807	510704	473273	547510	683661	594369	445041	634959	497549	965145	922284
AT1G74100.1	SOT16, ATSOT16, CORI-7, ATST5A - sulfotransferase 16	7.37E-03	3.81	22	1	1	24h	4h		23377	45827	23255	20504	20635	17783	40606	41480	35645	45289	27859	18089	66178	80182
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	8.08E-03	3.18	580	14	6	24h	2h		2462013	2471565	2185224	2417891	2333577	2355252	2624564	2943184	3846740	3484470	4473297	2218442	6386518	8251841
AT4G15530.1	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	8.31E-03	3.26	57	1	1	24h	2h		33661	29694	17118	21490	32331	39644	44766	59762	29094	40810	22221	26576	47561	78226
AT1G51570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) plant phosphoribosyltransferase family protein	8.52E-03	176.15	23	1	1	24h	0h		1260	731	1159	1196	1954	5585	9649	7396	18492	45512	4439	1867	133167	217576
AT2G30870.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	8.73E-03	Infinity	29	1	1	24h	2h		1103	601	0	0	0	0	726	0	0	0	0	0	2023	57540
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	8.74E-03	13.27	94	1	1	24h	2h		18418	39825	4271	5222	11462	13086	30419	11390	16264	13246	15339	31423	51935	74077
AT5G09650.1	AtPPa6, PPa6 - pyrophosphorylase 6	8.76E-03	44.44	26	1	1	24h	8h		8222	11320	3733	1286	7051	7932	3388	9823	616	328	1789	316	10384	31555
AT5G59420.1	ORP3C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 3C	8.84E-03	3.92	90	2	2	24h	0h		29999	18483	51909	31870	26203	36137	33999	45354	41089	42266	37110	30161	93880	96239
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	8.85E-03	7.27	71	2	2	24h	2h		89643	76238	40234	54111	60099	68599	96393	64086	86602	87488	82150	70055	186284	499392
AT2G24200.1	Cytosol aminopeptidase family protein	8.99E-03	4.39	929	13	8	24h	4h	AT2G24200.3;AT4G30910.1	2820960	3152481	2431909	3299626	2542406	2573825	2807046	3726518	3769003	4261105	4098324	2149114	8201994	14244331
AT5G27470.1	seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase	9.01E-03	Infinity	23	1	1	24h	2h		238	1220	0	0	0	0	678	0	0	0	0	0	2379	23516
AT1G56070.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	9.23E-03	2.39	100	2	2	24h	6h	AT3G12915.1	565749	646353	559818	846154	586187	628038	428202	331523	832786	798676	538091	657306	890827	927048
AT3G62030.1	ROC4 - rotamase CYP 4	9.42E-03	Infinity	81	1	1	24h	2h	AT3G62030.2	7547	7638	0	0	0	0	3843	2025	0	1329	0	0	1730	380641
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	9.74E-03	11.43	44	1	1	24h	2h		40217	80545	7486	11250	6675	18842	46714	21451	24526	33178	38679	35868	75812	138397
AT1G61140.1	EDA16 - SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein / zinc finger protein-related	1.06E-02	10.94	29	1	1	24h	0h		2097	4381	4684	5391	4844	3401	3598	10179	6042	7084	11380	5046	38437	32401
AT1G16480.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.08E-02	3.32	24	1	1	24h	2h		126714	87745	32951	43008	38553	64541	69231	60511	83924	63919	88901	70725	109851	142263
AT1G08940.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.08E-02	Infinity	37	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1280	0	9475	27985
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	1.08E-02	7.65	460	3	3	24h	10h		614727	749027	565510	1012319	292408	879070	736006	1087867	1635860	1528877	474875	435363	2659586	4301158
AT2G29740.1	UGT71C2 - UDP-glucosyl transferase 71C2	1.12E-02	Infinity	21	1	1	24h	10h		2493	9541	5258	2421	1325	0	1130	1686	9685	13513	0	0	44136	882705
AT5G39050.1	HXXD-type acyl-transferase family protein	1.14E-02	13.38	65	2	2	24h	0h		7945	7897	14332	14540	11478	9741	12670	11687	20433	10511	26163	6032	78840	133178
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	1.14E-02	4.17	79	2	2	24h	0h		35683	51477	47669	43326	47669	33220	55075	47221	56268	44971	68821	41461	49508	126866
AT5G08300.1	Succinyl-CoA ligase, alpha subunit	1.15E-02	2.08	78	2	2	24h	10h	AT5G23250.1	253559	327954	326172	347046	300373	348235	307848	377729	324059	345539	289350	232250	495268	591495
AT5G59890.1	ADF4, ATADF4 - actin depolymerizing factor 4	1.17E-02	31.74	44	1	1	24h	4h		4720	9322	1212	6538	2403	1168	15890	6962	12711	23930	11314	10168	37292	76036
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.17E-02	Infinity	31	1	1	24h	2h		480	864	0	0	0	625	0	0	273	1830	395	290	3009	30613
AT2G42810.1	PAPP5, PP5 - protein phosphatase 5.2	1.18E-02	3.22	63	1	1	24h	2h		27455	37803	17036	13766	31776	27256	29137	26674	13277	18174	23633	28270	35121	63988
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, TTGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	1.20E-02	15.55	617	12	11	24h	4h		1933873	2755065	1413170	3052082	1400820	2492336	3373679	3233535	4739155	7678684	6396516	1355233	23664931	36876394
AT1G14400.1	UBC1, ATUBC1 - ubiquitin carrier protein 1	1.21E-02	2.13	21	1	1	24h	2h		198568	203213	184220	246071	158721	210555	157513	189544	245122	247163	194620	244812	348068	390294
AT1G63770.1	Peptidase M1 family protein	1.21E-02	2.54	66	1	1	24h	2h	;AT1G63770.3	144322	123934	76498	65429	68777	89633	116913	80946	106174	103124	84366	82430	143030	217793
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	1.23E-02	3.34	117	2	2	24h	10h		78833	98290	81764	105056	61060	108697	86697	89039	111500	179700	88577	67671	231515	291001
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.26E-02	8.88	60	2	2	24h	10h		22379	47690	23302	45856	29114	35283	41408	45007	23888	74002	25364	27766	237962	233970
AT4G26300.1	emb1027 - Arginyl-tRNA synthetase, class Ic	1.30E-02	2.20	149	2	2	24h	2h		38327	30262	26421	34549	30025	40245	35052	36382	42088	39606	37828	49660	66476	67712
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	1.34E-02	4.79	207	1	1	24h	4h		144732	135537	130841	198794	103459	171297	177924	271214	234150	301222	163184	133968	421831	895068
AT5G20010.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	1.38E-02	2.38	149	2	2	24h	4h		344449	458399	375433	562715	292805	269794	409988	469105	685914	598329	386887	292024	583341	755169
AT1G78570.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	1.39E-02	2.68	133	3	2	24h	0h	AT1G63000.1	25413	24997	53908	59464	57210	31304	42724	50686	64413	56537	46241	47118	73849	61054
AT1G51760.1	IAR3, JR3 - peptidase M20/M25/M40 family protein	1.44E-02	16.88	47	1	1	24h	10h		16011	19591	8547	14326	6362	14551	13082	25238	9249	34548	7739	7472	83626	173098
AT4G36380.1	ROT3 - Cytochrome P450 superfamily protein	1.45E-02	28.32	26	1	1	24h	10h		10200	8566	3405	8738	5923	6802	7194	5739	5435	37875	4698	7022	83754	248198
AT3G13790.1	ATCWINV1, ATBFRUCT1 - Glycosyl hydrolases family 32 protein	1.48E-02	Infinity	27	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	734	0	0	0	0	0	1973	38956
AT3G05530.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	1.48E-02	4.15	44	1	1	24h	0h	AT1G09100.1	17556	18482	6312	13040	20767	20121	27753	17883	28639	20883	30193	24040	35951	44308
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	1.51E-02	2.12	116	1	1	24h	10h		28022	24437	45219	42088	28760	36323	18840	34281	49724	44347	23917	23570	51859	48618
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	1.51E-02	Infinity	64	1	1	24h	4h		1768	6435	3596	9076	0	0	6319	1322	0	2478	0	0	1489	20688
AT1G10140.1	Uncharacterised conserved protein UCP031279	1.54E-02	Infinity	79	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	1474	0	0	6203	12987
AT2G24850.1	TAT3, TAT - tyrosine aminotransferase 3	1.63E-02	Infinity	63	1	1	24h	4h		0	726	0	0	2537	666	1077	3141	6822	6233	3723	953	29127	4523
AT5G02780.1	GSTU1 - glutathione transferase lambda 1	1.66E-02	Infinity	84	1	1	24h	2h		2727	943	0	0	321	0	0	0	2164	6792	1503	0	147221	213386
AT1G02500.1	SAM1, SAM-1, MAT1, AtSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	1.68E-02	2.45	40	1	1	24h	0h		244091	354330	491121	428946	489176	437413	463649	421472	606057	492383	577398	408596	760262	704243
AT1G65980.1	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	1.68E-02	2.30	169	5	2	24h	10h	AT1G65980.2	77921	99394	105860	107111	101542	91177	100333	164308	107438	99712	72633	65596	153975	163902
AT1G47990.1	ATGA2OX4, GA2OX4 - gibberellin 2-oxidase 4	1.70E-02	Infinity	24	1	1	24h	2h		15422	17646	0	0	0	0	8330	0	1393	6610	1186	8744	13696	35777
AT1G09640.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	1.78E-02	Infinity	20	1	1	24h	2h		0	1060	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2164	21484
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	1.80E-02	4.10	253	4	4	24h	4h	AT4G27070.1	896190	1194570	762178	1158797	876755	884311	975751	1299500	1146617	1570709	1531244	937862	2561532	4651580
AT2G44350.1	ATCS, CSY4 - Citrate synthase family protein	1.82E-02	2.15	111	2	2	24h	0h	AT3G60100.1	167340	144372	200737	199030	191624	218248	203917	211461	281699	185261	211625	189544	362452	307631
AT3G49110.1	PRX33, PRXCA, ATPRX33, ATPCA - peroxidase CA	1.82E-02	16.77	22	1	1	24h	2h		7013	5595	1180	2365	5956	4522	5501	4318	2931	1208	1721	8199	20877	38576
AT3G16650.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.82E-02	2.44	26	1	1	24h	0h		7309	9383	7947	9352	11217	9876	12370	15383	14643	11684	15074	9133	21060	19651
AT1G07920.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	1.84E-02	99.59	30	1	1	24h	2h		55999	23669	1533	1747	3042	7769	46091	6892	3188	11268	5178	11796	56644	269960
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	1.85E-02	35.93	52	1	1	24h	2h		42794	20356	1504	2113	1109	3286	30985	1913	2621	1372	13249	13164	50729	79222
AT1G76140.1	Prolyl oligopeptidase family protein	1.90E-02	2.45	123	2	2	24h	4h	AT1G76140.2	384799	469573	256186

AT5G12950.1	Putative glycosyl hydrolase of unknown function (DUF1680)	1.94E-02	Infinity	73	1	1	24h	4h		4457	2500	0	31	0	0	691	0	0	0	0	0	700	7584
AT5G57890.1	Glutamine amidotransferase type 1 family protein	1.96E-02	26.42	25	1	1	24h	2h	AT1G24807.1	19114	24353	5493	13172	10836	17768	34507	22551	37182	43150	56629	8419	157124	336074
AT5G51830.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.99E-02	10.09	88	2	2	24h	4h		12311	18985	9288	9116	9087	9107	13876	19604	25692	33633	29816	5768	73580	110042
AT1G05010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	2.00E-02	2.85	111	3	1	24h	4h	AT1G12010.1	77013	108886	56574	83635	53239	67411	132311	95282	128512	149309	188569	127603	209552	134436
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	2.06E-02	Infinity	42	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	2496	0	0	0	0	0	5851	15345
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	2.09E-02	4.70	55	1	1	24h	2h		256666	257386	54385	140367	95848	118845	195746	103938	120733	178694	130107	139067	387028	527975
AT1G74590.1	ATGSTU10, GSTU10 - glutathione S-transferase TAU 10	2.13E-02	Infinity	33	1	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	1121	169	0	26662	149619
AT1G71697.1	ATCK1, CK, CK1 - choline kinase 1	2.15E-02	8.73	45	1	1	24h	4h		1650	4186	2565	5946	3248	2386	4503	5042	3429	10844	3384	2973	21745	27434
AT5G15490.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.20E-02	3.57	108	2	1	24h	0h	AT3G01010.1	8212	16624	14672	25613	15619	16322	17143	15474	20699	26454	16037	16347	39621	49021
AT5G36880.2	ACS - acetyl-CoA synthetase	2.24E-02	3.47	37	1	1	24h	4h	AT5G36880.1	49081	59456	42624	75182	46596	36923	48371	60163	70316	85730	60875	35243	120883	169330
AT5G10540.1	Zincin-like metalloproteases family protein	2.28E-02	2.20	67	1	1	24h	4h		90772	120491	243733	142670	99768	105657	112266	146946	147613	152005	126088	112205	236777	215259
AT5G03610.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.29E-02	11.26	28	2	2	24h	0h		2857	2370	6541	1627	6274	4419	4612	3006	3819	3100	3437	3690	16265	42586
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	2.32E-02	8.25	40	1	1	24h	10h		146894	133293	135618	80857	70353	130045	156709	145941	168668	143768	62190	16851	392260	260129
AT2G20610.1	SUR1, HLS3, RTY, ALF1, RTY1 - Tyrosine transaminase family protein	2.32E-02	2.04	59	2	2	24h	0h		81654	96100	110991	128784	111124	116964	87701	103716	151838	106631	130203	98899	186880	175878
AT3G52880.1	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	2.33E-02	Infinity	61	1	1	24h	2h		1743	10673	0	0	137	361	353	0	1305	1877	186	123	1509	109573
AT2G31390.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	2.41E-02	2.38	100	2	2	24h	2h	AT1G06020.1	130510	134497	82568	65937	96279	111380	109508	153663	114446	74855	121614	97271	168889	183996
AT5G53490.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.43E-02	Infinity	63	1	1	24h	2h		620	271	0	0	0	0	828	0	0	0	0	0	292	10972
AT1G21100.1	O-methyltransferase family protein	2.48E-02	55.92	61	1	1	24h	2h		5733	9669	2267	5046	8321	12881	92619	77691	138659	144937	166868	5107	154905	254036
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	2.49E-02	2.83	170	2	2	24h	0h		50996	82831	84338	80802	88888	86656	81551	107899	142732	111000	130871	78603	192759	186076
AT4G03080.1	BSL1 - BR01 suppressor 1 (BSU1)-like 1	2.49E-02	4.21	30	1	1	24h	10h		9632	17844	14491	17433	12100	15020	21659	17406	12926	18312	15258	7380	39396	55363
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	2.55E-02	2.05	99	1	1	24h	6h		160810	206187	206533	236870	148708	212719	135779	141213	253069	279776	224644	230826	235577	331317
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	2.55E-02	25.59	813	11	5	24h	4h		949621	1752850	778302	1729475	634858	1257693	2003631	2289895	2742546	4846621	4599887	542622	16942582	31483891
AT5G52810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.68E-02	3.16	36	1	1	24h	2h		66607	69625	45853	34212	49165	72274	79864	144643	61696	51107	73110	43662	135290	117503
AT5G17870.1	PSRP6 - plastid-specific 50S ribosomal protein 6	2.77E-02	2.08	103	1	1	24h	4h		583960	827809	342795	398349	322156	383627	419734	437575	432927	689443	593532	444419	720896	746693
AT2G26540.1	HEMD, UROS, ATUROS, ATDUF3, DUF3 - uroporphyrinogen-III synthase family protein	2.82E-02	2.23	45	1	1	24h	4h		104434	154491	97703	112863	72373	82129	105335	86208	90879	96688	71913	85357	136673	208200
AT4G31620.1	Transcriptional factor B3 family protein	2.83E-02	3.37	25	1	1	24h	2h		131218	110744	39594	49722	52257	84124	111488	70475	94453	78821	97823	189760	130920	169985
AT4G20360.1	ATRABB0, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	2.84E-02	Infinity	23	1	1	24h	4h		2239	185	0	34	0	0	3041	0	1411	1172	0	0	11443	199592
AT1G62820.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.85E-02	2.39	46	1	1	24h	10h	AT1G12310.1	9323	8449	10326	17634	8763	9767	11055	8436	10250	12469	6171	7660	17668	15454
AT2G22480.1	PFK5 - phosphofructokinase 5	2.88E-02	2.57	106	2	1	24h	10h		25593	19493	30763	21831	17792	27695	13362	21105	31009	28518	15622	14744	38324	39673
AT4G28490.1	RLK5, HAE - Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	2.91E-02	534.39	22	1	1	24h	4h		199	852	1040	85	0	14	76	181	250	79	383	445	901	6585
AT3G02230.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	3.02E-02	2.29	47	2	2	24h	4h	AT5G16510.1	487155	476178	284732	493433	284529	379228	426672	478000	382250	415091	385005	413265	709160	811574
AT5G11520.1	ASP3, YLS4 - aspartate aminotransferase 3	3.05E-02	8.31	59	2	2	24h	8h		769	2646	1309	1315	1711	2004	1170	1876	700	971	1479	2615	5114	8763
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	3.05E-02	2.14	87	2	2	24h	2h		481866	543427	304185	363985	332110	405302	424191	423461	370433	462390	398454	359768	550765	880201
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.06E-02	3.13	58	1	1	24h	0h		20790	28031	46319	39451	38492	45944	53059	42297	54646	45210	56105	28645	77476	75238
AT1G26420.1	FAD-binding Berberine family protein	3.07E-02	19.97	239	4	1	24h	0h		228	967	811	1504	1454	1545	824	2705	1749	1766	2339	1791	6058	17790
AT5G42740.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	3.08E-02	Infinity	26	1	1	24h	2h		1333	1497	0	0	0	487	1604	461	605	3580	330	14958	3696	48297
AT1G22400.1	UGT85A1, ATUGT85A1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	3.08E-02	19.87	74	2	2	24h	4h		11438	21360	10421	34558	10212	11427	23386	43679	6318	39847	16033	7850	167518	262527
AT4G14880.1	OASA1, OLD3, CYTAC51 - O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A1	3.11E-02	9.05	58	1	1	24h	2h		5933	5162	1123	727	1166	3000	2901	1270	1711	1809	3279	4217	4626	12715
AT3G47800.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	3.13E-02	6.17	63	1	1	24h	10h		53543	71712	68609	55236	47636	42784	45100	62398	99631	48994	40210	41011	129156	371878
AT3G51160.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.14E-02	3.27	141	2	2	24h	0h	AT5G66280.1	128223	131623	160020	172138	178628	174021	124454	197022	319078	273225	341059	141781	415210	435182
AT5G20250.1	DIN10 - Raffinose synthase family protein	3.15E-02	5.53	70	2	2	24h	10h		10274	19905	33846	12687	29129	22894	27585	22115	20043	13798	11889	15926	57441	96459
AT1G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	3.32E-02	9.30	45	1	1	24h	2h		10274	14723	6508	16991	7926	20450	14700	16366	8695	31338	39965	23589	130455	88100
AT2G42590.1	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	3.37E-02	14.79	44	1	1	24h	2h		6840	3403	494	248	423	2676	3453	1173	1474	935	3957	3225	4438	6543
AT5G65010.1	ASN2 - asparagine synthetase 2	3.39E-02	2.20	36	1	1	24h	6h		87642	77142	88714	89343	75422	80373	41464	60307	115018	80232	90315	86947	95081	129135
AT3G13235.1	ubiquitin family protein	3.43E-02	2.43	49	1	1	24h	10h		20436	34823	44378	45620	36911	28282	30260	38718	34572	35129	21810	29148	53129	70571
AT4G31300.1	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	3.44E-02	4.44	48	1	1	24h	4h		37360	34641	26309	55212	18174	27271	35753	28081	40415	74172	46764	32718	84623	117363
AT1G79920.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	3.44E-02	2.33	48	1	1	24h	4h		23755	40413	45623	32262	30945	25255	52723	42653	33575	36158	28078	28860	56108	75025
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	3.46E-02	6.60	87	2	1	24h	2h		88389	38476	21426	7100	67500	77685	71282	60703	46291	17051	55712	60751	82538	105715
AT2G02930.1	ATGSTF3, GST16, GSTF3 - glutathione S-transferase F3	3.51E-02	7.42	55	1	1	24h	4h		458388	376368	341058	276225	280084	238640	382984	340830	296558	405832	346380	261616	759797	988703
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	3.52E-02	2.35	103	2	2	24h	6h	AT2G17630.1	97516	90386	87866	111943	74880	92982	63940	78227	124016	118913	119370	73724	142916	191190
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	3.55E-02	3.05	69	1	1	24h	4h		31544	47620	29256	46073	33064	27975	52939	44783	53308	45542	33576	47582	113317	72804
AT5G17920.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	3.56E-02	3.42	245	3	3	24h	6h		1419459	1283882	563907	1019744	778583	1076812	889631	532499	1037119	1121578	1292428	1417593	1737219	3127776
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	3.62E-02	2.95	385	5	5	24h	2h		2123525	1769266	806990	1546408	1002111	1573075	1594293	1118347	1664873	1744776	1679590	1669196	2946318	3995044
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	3.65E-02	3.70	68	2	2	24h	0h		148046	155591	151308	153371	172760	167663	261461	284822	349876	225357	314329	111140	469089	655537
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerization domain	3.73E-02	6.48	28	2	2	24h	4h		7154	10052	9714	6139	6572	8817	10669	9713	26757	15489	30867	7348	39592	60062
AT2G23420.1	NAPRT2 - nicotinate phosphoribosyltransferase 2	3.77E-02	3.84	21	1	1	24h	0h		8391	6681	23869	17722	25192	25995	17039	27907	30353	18230	27069	12794	32796	25052
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	3.79E-02	2.37	33	1	1	24h	10h		58982	62590	64926	104173	41848	70897	64116	49332	81503	94657	47843	41558	104854	106901
AT4G14040.1	EDA38, SBP2 - selenium-binding protein 2	3.79E-02	2.05	40	1	1	24h	2h		92792	89852	61391	41437	98999	108685	87227	83527	93375	64501	95843	98208	88290	122971
AT1G07700.1	Thioredoxin superfamily protein	3.79E-02	2.72	25	1	1	24h	8h		7116	7934	9867	12229	6824	8496	5690	9302	6696	4590	6795	9649	13247	17433
AT4G24280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	3.80E-02	4.81	132	3	3	24h	2h	AT5G49910.1	224618	275404	66475	69432	50732	95863	206333	80245	83629	166976	169452	159258	229884	423942
AT1G57610.1	ADSS - adenylosuccinate synthase	3.81E-02	67.86	35	1	1	24h	10h		14521	13147	897	3093	1362	2405	9035	3933	1102	8892	1097	1170	16073	13731
AT1G07890.1	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	3.84E-02	2.08	62	2	2	24h	2h		920974	877758	653643	805322	640184	863524	945466	1099808	986887	1289152	1107150	714061	1475459	1561127
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	3.84E-02	2.34	83	2	2	24h	10h		293108	308590	380780	360473	249739	487440	327859	406610	494256	472116	289230	270461	588914	721553
AT5G61780.1	Tudor2, ATtudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	3.87E-02	2.48	67	1	1	24h	4h		24081	36925	32968	30515	12129	20054	29773	42313	33396	35220	11135	21495	38020	41793
AT1G29880.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	3.91E-02	Infinity	35	1	1	24h	2h		243	195	0	0	0	0	0	0	0	247	63	0	459	11177
AT1G10630.1	ATAAF1F, AAFA1F - ADP-ribosylation factor A1F	3.97E-02	2.70	52	1	1	24h	4h		143767	101063	82918	56416	41225	88749	72433	83623	140411	131884	107392	96150	199852	130450
AT4G37870.1	PCK1, PEPCK - phosphoenolpyruvate carboxykinase 1	4.03E-02	2.41	26	1	1	24h	10h		26659	22460	25985	34986	21695	26917	23412	19260	24802	39699	19441	19111	38077	54676
AT3G15020.1	mMDH2 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	4.05E-02	2.58	53	1	1	24h	10h		119461	128752	113903	105042	90086	74178	47410	76190	103883	104288	69833	30958	144950	114739
AT3G11960.1	Cleavage and polyadenylation specificity factor (CPSF) A subunit protein	4.06E-02	3.48	28	1	1	24h	0h		14970	22790	22135	18046	31519	24914	19377	38940	28052	22221	30518	18115	57608	73718
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	4.09E-02	30.76	141	3	1	24h	0h		1364	1657	2634	3082	2829	2429	2350	5420	4402	6941	17353	1858	22350	70566
AT1G79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	4.14E-02	35.36	64	1	1	24h	0h		15840	17887	4121	2190	2435	9541	10318	4585	2961	9793	5435	7675	30763	192417
AT2G30860.1	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	4.22E-02	21.05	55	1	1	24h	2h		134578	169612	11232	37737	10996	40855	101575	66482	29050	118321	72796	51304	200683	330078
AT3G01440.1	PQL1, PQL2 - PsbQ-like 1	4.31E-02	5.90	95	1	1	24h	4h		26575	20492	7910	10317	5020	8251	17483	14881	8661	14944	4070	15052	28332	49988
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	4.41E-02	14.14	85	2	2	24h	2h		8219	7671	4473	1873	5972	6893	13852	5118	2994	4538	10778	10776	15459	74251
AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	4.45E-02	5.38	133	2	1	24h	2h	AT1G26570.1	48999	45030	10845	35994	22262	32404	55393	26215	33049	47387	56139	45014	120386	131418
AT1G24180.1	IAR4 - Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	4.52E-02	3035.56	29	1	1	24h	2h		30	589	10	0	223	47	364	36	119	894	51	35	1392	28671
AT2G39800.1	P5CS1, ATP5CS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	4.61E-02	3.16	44	1	1	24h	10h		20680	33999	30870	20119	31072	38636	53194	30019	55634	36771	22462	16596	66696	56813
AT2G32240.1	unknown protein	4.65E-02	Infinity	65	2	1	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	2754	0	0	716	16883
AT1G09720.1	Kinase interacting (KIP1-like) family protein	4.65E-02	10.02	22	1	1	24h	4h		6728	14576	7467	15446	13480	6992	9199	28542	24352	20746	25600	6119	109556	95663
AT3G22060.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	4.69E-02	11.38	28	1	1	24h	10h		12049	20425	7439	18485	5859	29165	30818	43977	32816	19291	4213	9482	67926	87853
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	4.75E-02	17.80	25	1	1	24h	2h		49820	39964	5700	4518	10686	17313	43640	11893	12381	18004	3939	23173	50529	131370
AT2G38240.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.76E-02	Infinity	42	1	1	24h	0h		0	0	1383	0	0	0	0	0	0	649	0	0	11554	66655
AT1G24100.1	UGT74B1 - UDP-glucosyl transferase 74B1	4.83E-02	2.23	61	1	1	24h	10h		129711	124361	86114	101548	87667	89022	83050	116411	141798	127471	110798	58802	164073	113908
AT1G47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	4.84E-02	4.89	89	1	1	24h	10h		24417	19225	20591	30966	11044	20800	13150	17206	24240	35316	8531	7101	20961	55476
AT5G07350.1	Tudor1, ATtudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	4.88E-02	14.79	49	1	1	24h	4h		7638	23495	7902	13683	2732	4222	16162	16163	8989	20428	5307	11865	25436	77419
AT4G19006.1	Proteasome component (PCI) domain protein	4.91E-02	Infinity	59	1	1	24h	2h		2341	730	0	0	4723	3206	5326	6508	2661	0	3949	5614	21101	515
AT2G04230.1	FBD, F-box and Leucine Rich Repeat domains containing protein	4.91E-02	Infinity	25	1	1	24h	2h		0	357	0	0	0	307	520	522	0	0	319	395	1445	43847
AT2G15220.1	Plant basic secretory protein (BSP) family protein	5.62E-02	26326.57	105	2	2	24h	2h		0	1122	6	0	10687	1173	0	69	7878	1009	7142	808	10303	151892
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	8.09E-02	7.86	139	2	2	24h	2h		576906	626914	361223	316737	525652	436228	698573	420317	379361	557869	671845	456926	953020	4376099
AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	8.52E-02	9.48	178	3	3	24h	10h	AT4G38510.1	35984	22383	26863	18375	17284	16176	23627	19697	25347	19369	19760	13642	44148	272494
AT4G37300.1	MEE59 - maternal effect embryo arrest 59	2.34E-01	4.12	77	2	2	24h	8h		51832	43650	37990	36128	36944	33306	24810	50577	35311	24039	23701	36921	49358	195082
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	2.41E-01	3.83	89	2	2	24h	8h		552219	429636	436176	387845	434708	407353	516184	341429	167480	314772	410534	339683	431057	1414487
AT2G24270.1	ALDH11A3 - aldehyde dehydrogenase 11A3	2.42E-01	5.05	105	3	2	24h	8h	AT2G24270.4	49934	26238	45602	29347	50813	39544	47766	40732	25418	18601	63443	44915	43552	178829
AT1G68010.1	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	4.10E-01	2.96	129	2	2	24h	8h		95415	72733	71704	94494	111718	68461	89261	72103	61464	79895	80830	94975	93537	324767
AT1G59940.1	GUN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	5.63E-04	19.76	125	1	1	2h	24h		79869	89150	107683	68996	87234	68977	61995	55220	51742	31045	25809	73298	31405	4634
AT1G72160.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	8.02E-04	966.86	22	1	1	0h	24h		42790	20233	8612	19407	2947	19645	8926	24342	12290	16609	2258	9807	49	16
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	1.09E-03	2.42	376	6	5	10h	24h		1875428	1371412	1573859	1596468	1868459	1531247	1761665	1476789	1245088	1303807	1697849	1811585	698226	750978
AT2G29450.1	ATGSTU5, ATGSTU1, AT1G03-1A, GSTU5 - glutathione S-transferase tau 5	1.15E-03	15.41	56	1	1	0h	24h		59476	44609	30167	57624	58699	43861	22387	56372	34841	52287	40292	28428	3727	3028
AT4G29060.1	emb2726 - elongation factor Ts family protein	1.35E-03	2.72	476	7	7	2h	24h	AT4G29060.2	2426324	2446038	3118568	3310250	3217996	2410969	2237379	2188806	2706010	2222673	1737835	2007842	1332737	1030642
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	1.39E-03	6.77	53	2	2	2h	24h		33658	33087	106012	70873	61890	36176	41477	59185	63494	54116	27363	40177	16197	13932
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	2.67E-03	2.82	279	6	6	2h	24h		403373	492377	492803	448405	522262	354009	365325	361724	455180	354041	438083	450376	188456	145514
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	3.44E-03	5.56	182	4	4	0h	24h	AT1G45130.1	325736	216357	159530	228451	142033	163801	171540	116889	128072	185560	86102	106887	58475	38943
AT3G49680.1	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	3.71E-03	2.55	114	2	2	2h	24h	AT5G65780.1	48309	56449	82037	72581	68234	49478	57823	49330	54848	45228	56360	55323	31866	28702
AT3G53580.1	diaminopimelate epimerase family protein	4.01E-03	2.64	52	1	1	2h	24h		70604	86373	118490	133816	116373	95214	60275	82188	107202	89233	90408	89393	53690	41999
AT3G54660.1	GR, EMB2360, ATGR2 - glutathione reductase	4.37E-03	2.98	31	1	1	2h	24h		51589	44117	58182	85700	67473	64695	52459	71679	47172	48462	56358	50463	27924	20328
AT4G33030.1	SQD1 - sulfoquinovosyldiacylglycerol 1	4.38E-03	2.66	206	4	4	2h	24h		166215	183314	249804	220809	215265	217146	176020	214206	184987	152062	173450	134266	105241	71935
AT3G48730.1	GSA2 - glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 2	4.65E-03	2.95	307	6	4	2h	24h	AT5G63570.1	2187112	2278045	2464372	2334721	2406072	1905538	1899141	1591254	1968519	1606852	2032366	2087377	1029552	594627
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	6.22E-03	3.87	96	1	1	8h	24h		77822	83594	110930	101149	88024	70249	61228	67728	139477	73862	80363	104486	33294	21799
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	7.42E-03	6.13	95	1	1	2h	24h		60350	43434	58325	83050	48109	47350	41620	59981	31036	47914	23017	46070	13932	9134
AT1G65960.2	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	7.45E-03	3.83	185	2	1	10h	24h	AT1G65960.1	31460	15541	19600	22937	40488	48738	39293	25267	12518	17902	40804	50067	12506	11208
AT4G14570.1	acylaminoacyl-peptidase-related	7.73E-03	2.33	21	1	1	2h	24h

AT1G11840.1	ATGLX1, GLX1 - glyoxalase I homolog	8.46E-03	3.22	27	1	1	2h	24h		85073	81505	98720	102926	93968	83090	72866	55682	102734	90107	77464	62724	42022	20665
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	8.47E-03	4.38	115	2	2	4h	24h	AT1G74040.1	83125	77648	98083	73469	103946	69283	70913	92077	56985	41615	51628	87100	25955	13561
AT1G60710.1	ATB2 - NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	8.66E-03	4.94	49	1	1	2h	24h		11817	7652	26650	24681	24229	13988	12316	21878	19898	14031	11441	14007	5547	4846
AT1G04700.1	ferredoxin thioredoxin reductase catalytic beta chain family protein	1.27E-02	2.44	84	2	2	0h	24h		134895	112688	99746	79697	85630	120806	105696	99551	90956	74866	87583	112070	55592	45820
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	1.30E-02	7.97	248	2	2	2h	24h		1031197	1550314	1924316	1316471	1404063	1121370	747253	867273	725999	455659	477960	1586795	216391	190301
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	1.30E-02	13.81	150	2	2	2h	24h		32138	90232	145307	125755	137647	116216	76732	123286	113861	41663	61921	137772	5837	13784
AT2G37660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.36E-02	3.30	157	2	2	2h	24h		986256	1058525	1227572	2170827	1692606	1289704	1164662	1182412	829255	1158895	1416641	1144960	585134	443635
AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	1.52E-02	2.65	136	3	2	2h	24h	AT3G14390.1	88169	96548	147943	116515	93349	103779	98383	107475	134380	92855	120072	107783	61818	37847
AT5G10860.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	1.53E-02	2.57	65	1	1	2h	24h		37943	37421	63319	57118	56391	42773	27050	47491	24649	29839	39684	43524	25586	21200
AT4G18440.1	L-Aspartase-like family protein	1.59E-02	3.83	404	8	8	4h	24h	AT1G36280.2;AT1G36280.1	1626793	2306376	1865112	2208374	1561025	2522258	986849	2054747	1608553	1997181	1703836	1620492	610651	455210
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	1.67E-02	3.77	85	2	2	2h	24h		107535	144337	219798	222092	259623	179158	106794	142035	172002	141194	121777	135157	81754	35519
AT4G21880.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.69E-02	2.95	23	1	1	8h	24h		34943	46745	59882	39745	54791	53082	44529	50123	66817	46868	45636	48344	24214	14321
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	1.71E-02	2.86	68	1	1	2h	24h		92580	130901	137498	149995	120548	76607	71485	99632	159339	126655	97418	83561	58283	42249
AT1G68560.1	ATXYL1, XYL1, TRG1 - alpha-xylosidase 1	1.72E-02	2.16	22	1	1	2h	24h		28633	29606	33357	38251	35071	29918	22191	35184	34857	27810	34650	32470	16293	16818
AT4G20260.1	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	1.80E-02	4.64	229	2	1	2h	24h		976916	709997	1208815	889802	1209577	978614	565374	1050286	495389	630688	556666	824864	322179	149845
AT3G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	1.82E-02	2.32	56	1	1	2h	24h		154052	129242	250549	242360	222127	213999	129665	183464	267286	194191	184442	150535	127242	85040
AT5G62790.1	DXR, PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	1.87E-02	4.71	95	1	1	0h	24h		138436	119075	110274	64460	88962	61590	104437	70436	122911	67654	81405	85902	33598	21116
AT2G35040.1	AtCARFT/IMPCHase bienzyme family protein	2.07E-02	3.63	51	1	1	2h	24h		11965	13462	29905	25129	21170	12069	15426	18334	17659	22839	13417	13066	9992	5176
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	2.10E-02	2.40	90	1	1	4h	24h		1091768	809022	1601261	1377681	1647038	1385975	974180	1455563	600293	891733	1365021	1108665	730470	531937
AT5G46290.1	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	2.11E-02	2.54	23	1	1	2h	24h		78396	109299	133537	132106	97055	95151	82151	135501	124959	105343	93836	93212	58569	46194
AT5G66770.1	Transketolase	2.16E-02	3.00	334	6	2	10h	24h		1386836	980574	1564148	690548	1402931	1128387	1083139	1086615	609224	555770	1759166	1716434	587280	571709
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	2.25E-02	2.50	82	1	1	2h	24h		163840	142962	201882	194268	135179	170466	107373	169994	159687	151441	81004	115289	92719	65623
AT5G03300.1	ADK2 - adenosine kinase 2	2.33E-02	5.19	78	1	1	2h	24h	AT3G09820.1	123594	87956	183649	461349	249920	151195	134425	170137	80002	62953	166830	142025	79050	45223
AT4G38810.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.36E-02	13.89	59	1	1	4h	24h		18190	17209	63436	25162	53370	52577	20952	58796	51289	14935	19443	33385	2534	5092
AT5G13650.1	elongation factor family protein	2.43E-02	5.10	231	3	3	2h	24h		128869	229186	344627	278321	360238	231801	307782	206049	278042	179660	160794	261308	84455	37594
AT4G01940.1	NFU1, ATCNFU1 - NFU domain protein 1	2.54E-02	3.51	54	1	1	8h	24h		10896	18898	22435	19498	14994	12417	8145	13973	27293	14786	7219	5957	7728	4265
AT2G04030.1	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	2.78E-02	3.00	51	1	1	2h	24h		30615	50426	59916	70395	62361	38279	53453	66432	41061	34527	34010	41105	17459	25989
AT1G29900.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	2.80E-02	3.23	40	1	1	2h	24h		13025	16307	30838	22084	27468	21603	17525	20818	17350	20635	17693	25400	11163	5198
AT1G67090.1	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	2.91E-02	4.94	38	1	1	4h	24h		21858	17660	45791	27403	60382	28868	31556	47237	43370	24080	21762	22198	6157	11914
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	2.99E-02	3.76	61	1	1	2h	24h		47053	51742	91210	64640	52219	44717	46530	68606	78182	48768	29505	52189	25585	15893
AT5G66190.1	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	3.07E-02	2.30	220	3	3	4h	24h		1393980	1239669	1558912	1599785	1823690	2128495	1093057	1482373	1712964	1541610	1632234	1781459	1098718	620815
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	3.13E-02	5.68	49	1	1	4h	24h		127163	164388	525615	299992	326171	211846	141483	285804	318059	243810	200575	159245	103207	42163
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	3.22E-02	2.33	69	1	1	2h	24h		416113	316037	619047	517945	327939	390157	254707	264643	611891	389269	249178	374923	208991	278561
AT3G27740.1	CARA - carbamoyl phosphate synthetase A	3.35E-02	8.53	31	1	1	2h	24h		9463	6627	35039	16699	29142	12037	8896	15918	13774	7896	11605	12958	4397	1671
AT5G66550.1	Maf-like protein	3.36E-02	2.82	80	1	1	2h	24h		26684	32518	47833	55346	57018	33454	36396	42966	35552	44490	37234	32089	23186	13345
AT1G66200.1	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	3.37E-02	3.09	77	2	1	4h	24h	AT1G66200.2	102130	140652	161770	160053	338982	200376	260220	174911	160425	118312	158928	194220	105328	69395
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	3.39E-02	2.11	75	1	1	0h	24h		312198	261977	200808	191205	278578	271606	244029	158100	202023	160693	229184	249428	162369	109943
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	3.41E-02	2.20	221	5	2	10h	24h	AT2G41220.1	1386816	980574	1564148	690548	1402931	1128387	1083139	1086615	609224	555770	1759166	1716434	587280	571709
AT5G35360.1	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	3.46E-02	2.62	62	1	1	2h	24h		378358	329632	652011	490418	405119	431435	238531	428649	449797	479257	430880	366846	254111	182394
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	3.51E-02	2.68	52	1	1	2h	24h		32187	31855	60863	38118	50124	33365	36313	36124	30793	25306	41828	36430	22588	14369
AT3G01120.1	MTO1, CGS, ATCYS1, CGS1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	3.90E-02	2.36	61	1	1	6h	24h		42371	75142	92744	65994	94647	69404	83830	96097	95484	81991	89716	84731	44019	32278
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	3.95E-02	Infinity	28	1	1	0h	24h		18043	2169	3125	457	3083	16706	0	2508	6619	1969	4090	5573	0	0
AT1G03220.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	4.20E-02	3.01	63	1	1	2h	24h		9602	18208	34824	23713	21366	20423	16326	27272	22257	25496	15471	13692	7949	11494
AT5G09020.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	4.25E-02	2.09	121	2	2	2h	24h	AT2G25140.1;AT3G48870.1	225525	273204	348581	293865	322588	196462	277108	271425	245322	222615	225117	210801	149263	166938
AT5G38410.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.38E-02	2.32	68	1	1	10h	24h	AT5G38430.1	22031820	16710226	19492262	12080817	24409925	13885326	15603022	12031122	8604205	10143522	18919046	23630193	8576540	9793927
AT5G16970.1	AT-AER, AER - alkenal reductase	4.39E-02	2.05	48	1	1	4h	24h		79481	78663	67309	84618	89411	97861	68457	81686	55350	80044	83005	62393	41911	49531
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	4.43E-02	2.63	72	1	1	2h	24h		21507	32240	47519	28373	43945	25781	29445	31745	20651	19336	26847	27492	14207	14600
AT1G55490.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	4.61E-02	4.17	102	1	1	2h	24h		62908	66936	176425	150547	139006	54408	72847	102918	119080	86386	83296	79611	48323	30009
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	4.66E-02	3.36	49	1	1	6h	24h		18896	11230	29482	21698	25899	26807	17555	27547	18177	13388	19229	21703	11055	4616
AT5G52430.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	4.67E-02	2.29	26	1	1	10h	24h		1239455	1016834	1164009	1103017	1015443	1107383	970734	966918	916573	878155	1356190	1289695	777585	375601
AT1G06680.1	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	4.67E-02	3.87	92	1	1	2h	24h		860839	603502	1750296	1160184	1538753	1028348	636801	1331087	941304	678999	776731	814030	472361	279397
AT4G00490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	4.76E-02	3.95	68	1	1	4h	24h		153378	131249	109787	133444	210568	192270	122835	127954	101443	113932	141766	143218	79464	22528
AT5G36700.1	ATPGLP1, PGLP1 - 2-phosphoglycolate phosphatase 1	4.81E-02	2.48	57	1	1	2h	24h	AT5G36700.3	691458	572869	782490	821650	658015	687850	352220	486523	780689	646969	599008	522883	447183	198508
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	4.85E-02	2.36	49	1	1	6h	24h		41922	27612	37927	35246	24760	33476	41116	35161	29850	28127	26745	45520	17888	14444
AT3G48060.1	BAH domain /TFIIS helical bundle-like domain	4.90E-02	3.26	23	1	1	2h	24h		799364	578202	719257	691801	924203	458362	480215	435775	522487	348615	517920	827088	284056	148157
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	4.98E-02	2.02	45	1	1	10h	24h		24139	18266	22429	16878	22900	19624	22598	19639	17487	15229	28144	27264	16369	11103
AT1G10760.1	SEX1, SOP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	4.98E-02	3.24	58	1	1	2h	24h		69083	73616	123119	144865	125010	80987	87587	104870	59779	92155	71106	91049	56457	26231
AT1G65930.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	6.88E-02	2.12	118	2	2	2h	24h		367613	329496	526898	591363	629382	486723	343717	603715	473244	326413	509534	412377	265211	262972
AT3G58600.1	Adaptin ear-binding coat-associated protein 1 NECAP-1	1.26E-06	Infinity	29	1	1	6h	2h		3496	7113	0	0	24252	22023	40536	7377	0	0	2713	18238	0	0
AT1G78870.1	UBC35, UBC13A - ubiquitin-conjugating enzyme 35	6.26E-05	Infinity	43	1	1	6h	0h	AT1G16890.1	0	0	0	0	0	0	3337	272	0	0	0	0	0	0
AT1G61440.1	ATCYSC1, ABAT8;BSAS1;_CYSC1 - cysteine synthase C1	5.71E-04	2.86	63	1	1	10h	0h		8242	10605	16160	11757	15475	12129	19426	19461	12532	12512	25397	28586	25782	27142
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	8.96E-04	Infinity	31	1	1	4h	0h	AT1G53780.1	0	0	0	0	7298	3354	6304	4263	85	0	4074	4749	8282	582
AT3G51800.1	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	1.15E-03	3.60	45	1	1	8h	10h		170454	194314	192802	204978	134210	199670	213466	243408	292758	240295	63052	84899	202456	224305
AT5G35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	1.36E-03	Infinity	36	1	1	6h	0h		0	0	875	260	1927	3409	11129	1892	1919	397	353	7762	5602	1058
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	1.52E-03	4.38	118	1	1	0h	4h		72665	52208	11628	19777	13847	14686	29550	48990	43927	47105	17564	11375	45406	56601
AT4G05710.1	ACO3 - aconitase 3	2.39E-03	2.22	153	3	3	4h	8h		10494	11850	15592	10997	20908	16360	15119	16445	8739	8038	16455	16160	11637	15627
AT1G70730.1	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	3.28E-03	2.18	116	2	2	10h	0h		100549	110490	161396	179810	211518	184369	175493	195016	209900	191081	208367	251968	258773	192526
AT1G50480.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	3.75E-03	3.62	84	1	1	10h	0h		7932	10153	16740	16507	29902	25895	19855	17814	12409	18217	33136	32362	18019	10555
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	3.85E-03	Infinity	23	1	1	8h	4h		1272	1223	35943	6966	0	0	1469	0	28749	14366	0	0	0	0
AT5G34850.1	ATPAP26, PAP26 - purple acid phosphatase 26	5.24E-03	2.25	64	1	1	0h	2h		93461	108697	51598	38343	63896	71396	58195	63297	56649	42821	62997	66702	65148	67953
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	5.29E-03	2.12	186	3	2h	10h		180472	153777	151518	199531	126910	136197	131449	150459	160925	152241	72826	92684	150557	174161
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	5.42E-03	2.55	45	1	1	4h	8h		80625	56202	74156	80931	96259	80261	66050	84396	53847	35864	33347	68577	77006	66861
AT2G39770.1	CYT1, VTC1, SOZ1, EMB101, GMP1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	6.27E-03	7.79	49	1	1	2h	0h		5134	8416	46340	59248	37224	23997	17644	33600	47108	33564	20428	19411	14489	27951
AT1G14610.1	TWN2, VALRS - valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VALRS)	7.10E-03	4.01	72	2	1	4h	2h		6140	10421	4179	3383	17711	12596	14490	10227	7504	6307	9277	12812	8784	9592
AT1G32470.1	Single hybrid motif superfamily protein	7.33E-03	2.10	207	3	2	10h	6h		1796868	1213475	2062265	1940541	1776413	2081122	913139	1072674	1892542	1650372	2068269	2101760	1698643	1645276
AT2G05220.1	Ribosomal S17 family protein	1.07E-02	2.14	40	1	1	2h	0h		64534	57324	147607	113028	111078	111211	81984	98221	84371	107221	93832	111158	75243	54500
AT3G11670.1	DGD1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.07E-02	2.25	24	1	1	6h	6h		82678	59722	87394	79462	69097	64194	42150	32083	86437	64449	57499	58864	57095	52159
AT2G36460.1	Aldolase superfamily protein	1.28E-02	2.08	612	6	1	10h	8h	AT2G36460.2	59470	63020	50226	63853	102357	92742	72194	106573	62727	48304	114542	116389	55936	73721
AT3G22200.1	POP2, GABA-T, HER1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	1.30E-02	Infinity	44	1	1	8h	4h		2423	0	1281	153710	0	0	0	0	12043	144142	0	0	1374	218
AT1G74090.1	SOT18, ATSOT18, ATST5B - desulfo-glucosinolate sulfotransferase 18	1.46E-02	2.20	51	1	1	0h	10h		45622	60158	33934	50029	31254	32435	40629	43906	34941	38482	22345	25710	34927	31111
AT1G20480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	1.64E-02	2.30	143	3	3	0h	10h		5779550	5051216	3523404	5390651	2669907	2978619	2458156	3098597	4343682	4988226	2255569	2446166	2149928	3395283
AT1G32200.1	ATS1, ACT1 - phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	1.70E-02	2.25	28	1	1	0h	2h		77282	99669	39225	39370	39690	50257	63691	59534	35079	44803	44322	60399	67077	48770
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	1.72E-02	4.44	49	1	1	10h	0h		6110	5927	12586	21203	22618	18682	23425	15467	9062	16181	30669	22739	11003	5537
AT1G23310.1	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	1.76E-02	2.17	80	1	1	8h	6h		81479	79264	91793	109107	70198	77965	59720	46516	102297	127829	66945	93837	83409	72993
AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	1.85E-02	2.32	155	2	2	0h	4h		126673	124860	89362	145304	46772	61580	76608	76245	109065	121617	74363	49903	94207	74165
AT4G33010.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	1.90E-02	2.27	180	3	3	8h	6h	AT2G26080.1	1677234	1270041	1360015	1781883	1249937	1602340	927566	747306	1870379	1924134	1546231	2053731	1646237	1456228
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	2.00E-02	2.21	83	1	1	2h	4h		665576	557415	952127	899144	526426	312497	424833	614616	903313	818051	520254	460645	395850	496854
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	2.11E-02	2.15	77	1	1	0h	10h		39306	39749	29911	34083	31927	23790	29448	38135	35546	39198	13545	23177	20988	20318
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	2.15E-02	2.61	148	4	4	8h	6h		2668097	1932612	2583898	2578569	1464171	1838193	933152	1301125	3434995	2393079	2096627	2692573	2205333	1636813
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	2.23E-02	7.97	85	1	1	6h	8h		44064	23829	12360	18973	34813	32491	35353	38503	7604	1663	22313	42780	27873	16309
AT3G23940.1	dehydratase family	2.33E-02	8.60	45	1	1	4h	8h		12250	11434	7323	28534	24477	15220	14855	18727	1262	3353	16187	14677	10117	8970
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	2.38E-02	2.37	48	1	1	10h	8h		43548	31384	48566	42567	41800	29550	41404	30771	22585	18586	45785	51895	31028	37075
AT1G74260.1	PUR4 - purine biosynthesis 4	2.38E-02	Infinity	45	1	1	4h	2h		18524	0	0	0	17740	3141	5127	14234	0	0	7780	11226	7990	11489
AT5G19220.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	2.46E-02	2.35	30	1	1	10h	2h		1033536	775434	515620	512299	1012087	942681	889719	977938	989916	601225	1250337	1164633	1054675	870527
AT5G64570.1	XYL4, ATBXL4 - beta-D-xylosidase 4	2.51E-02	2.65	43	2	2	10h	6h		53070	47898	52644	44636	56183	47048	30654	28367	41838	57999	57565	98859	28929	37039
AT5G44070.1	CAD1, ARA8, ATPCS1, PCS1 - phytochelatin synthase 1 (PCS1)	2.58E-02	2.89	100	1	1	4h	0h		17840	12773	32174	45740	42837	45747	26668	42323	21652	25234	40489	27247	29936	22176
AT4G20480.1	Putative endonuclease or glycosyl hydrolase	2.68E-02	2.05	27	1	1	0h	4h		151605	190000	150731	160530	71251	95754	101716	97580	82572	106865	114478	78085	91206	117834
AT4G33640.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	2.86E-02	2.40	74	1	1	0h	10h		19747	25811	17594	15257	13776	18338	19939	21704	21487	22954	7252	11707	24004	16225
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	2.91E-02	2.82	111	2	1	10h	0h	AT1G12900.2	73947	60016	132738	69415	184978	170660	133843	135894	103601	65045	185771	192066	117257	192287
AT1G07890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	3.00E-02	2.95	72	1	1	0h	2h		265439	260582	74864	103389	83558	171767	169377	150393	127668	181409	107987	117837	106758	192333
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	3.05E-02	3.30	64	1	1	0h	2h		118956	91210	24698	38897	54024	60976	71307	49070	63531	74411	49017	74747	64716	45523
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	3.14E-02	5.16	82	2	1	6h	8h		14153	14586	15534	6720	19392	12345	42901	24114	6596	6400	11602	17056	12265	12925
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	3.31E-02	7.72	69	1	1	6h	0h		8796	4515	20233	6094	44637	35459	41730	61015	14781	4797	48365	34267	72521	22648
AT4G10480.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	3.38E-02	Infinity	33	1	1	6h	10h		2167	15518	4911	17391	0	3758	19677	21437	2124	5276	0	0	1610	15557
AT2G14610.1	PR1, PR 1, ATPR1 - pathogenesis-related gene 1	3.38E-02	12.47	86	1	1	6h	8h		76782	151265	88339	51756	29936	149701	181350	268292	13241	22818	48302	20336	122792	120301
AT5G49890.1	CLC-C, ATCLC-C - chloride channel C	3.38E-02	2.05	22	1	1	0h	4h		481233	396592	252773	334206	186798	241892	302994	299311	326853	375395	351294	253513	402942	353161
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.51E-02	2.04	65	2	2	2h	6h		221805	161619	381047	307525	232643	219744	138212	199701	278951	224701	236290	218931	196759	162857
AT5G17310.2	UGP2 - UDP-glucose pyrophosphorylase 2	3.51E-02	2.03	79	1	1	2h	6h		608258	506819	801922	1032270	480350	714118	388079	515910	765112	936322	671024	603857	551083	440705
AT4G25100.1	FSD1,

AT4G14030.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	3.73E-02	2.19	72	1	1	10h	6h		83770	63503	88189	56482	59220	72074	43910	54549	88727	70082	101925	114193	93248	115693
AT5G48230.1	EMB1276, ACAT2 - acetoacetyl-CoA thiolase 2	3.74E-02	20.67	55	1	1	2h	8h		14267	22636	25401	26235	6957	7175	21888	19559	1632	865	18264	17347	28341	2145
AT2G43945.1	unknown protein	4.00E-02	2.41	32	1	1	4h	2h		103765	96061	43981	59016	129443	119241	111721	119578	106480	53051	103303	132718	82600	90884
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	4.10E-02	2.75	80	1	1	2h	0h	AT4G13940.1	341424	334405	1156177	699640	1115293	686031	645974	930204	612837	356408	677160	704693	449681	261030
AT2G33600.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.17E-02	2.11	106	2	1	8h	10h	AT2G33590.1	29184	25660	24952	39021	21702	29022	32646	43748	36881	40812	20086	16717	43971	32872
AT5G19140.1	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	4.30E-02	2.25	124	1	1	0h	10h		450321	448651	346408	324965	260261	339029	257813	373168	367722	286490	235160	164356	314682	302292
AT1G75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	4.35E-02	3.47	31	1	1	6h	2h		29439	45660	13727	14230	25758	23268	68358	28577	22471	33334	26214	20552	14440	16548
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	4.40E-02	2.33	102	1	1	0h	10h		59011	53659	57399	54941	34448	46780	50021	58725	57264	42063	17974	30445	40470	23480
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	4.42E-02	3.00	81	1	1	10h	0h		20816	41777	72827	83371	91906	81001	63100	34377	113323	72829	81790	105681	92383	64718
AT5G26570.1	PWO, OK1, ATGWD3 - catalytics;carbohydrate kinases;phosphoglucan, water dikinases	4.51E-02	3.22	31	1	1	2h	10h		28389	30471	62567	53535	40760	39938	27070	38190	46127	35910	16628	19373	29383	10161
AT1G76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	4.68E-02	2.86	79	1	1	8h	6h		1178623	909047	978828	1449283	689881	1177484	521663	460195	1271975	1538057	837604	837548	1008052	614504
AT5G28500.1	unknown protein	4.69E-02	2.03	56	1	1	2h	6h		103808	94574	172696	144927	124516	118593	65815	90567	148795	102486	103586	108853	107842	79599
AT4G29010.1	AIM1 - Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	4.75E-02	Infinity	46	1	1	8h	10h		0	5555	2780	11315	1906	2631	1613	3604	7932	8052	0	0	3873	6317
AT1G68590.1	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	4.79E-02	2.28	34	1	1	0h	10h		293903	439940	204369	164945	188342	181428	243001	239280	231020	253204	132662	189415	269092	179619
AT2G30970.1	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	4.80E-02	Infinity	26	1	1	6h	10h		0	15	451	170	228	1142	40489	1051	577	229	0	0	544	0
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	4.88E-02	3.30	58	1	1	10h	8h		37343	26596	31619	14502	36599	27413	22069	20266	10110	15266	36611	47214	19439	24570
AT4G04350.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	4.92E-02	2.83	31	1	1	0h	8h		7679	8686	5838	6502	4901	2037	6600	3952	2870	2921	5066	5995	3389	3371
AT5G03290.1	IDH-V - isocitrate dehydrogenase V	4.92E-02	2.05	31	1	1	2h	10h		37565	39863	69111	49624	46655	43893	50915	63478	47434	49317	23931	33902	52050	35517
AT1G33960.1	AIG1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.94E-02	26.94	71	2	2	6h	10h		6387	13463	13391	51867	11146	31272	25159	72465	15125	57962	1645	1978	56420	13821
AT5G62530.1	ALDH12A1, ATPSCDH, PSCDH - aldehyde dehydrogenase 12A1	4.97E-02	2.61	27	1	1	2h	0h		36380	17524	70179	70326	42198	49851	33055	34033	70353	42541	28996	34455	39934	31777
AT5G25980.1	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	5.38E-02	2.85	73	2	2	0h	6h		75199	89111	35582	35905	62434	41664	21060	36540	23046	36749	47876	68662	46307	90346
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	4.14E-01	2.01	94	2	2	8h	6h		159138	99217	143516	183407	112077	184893	139456	53177	180148	206479	163516	127519	131120	88447

Tabelle 88-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit ein2 DD

									Normalized abundance											
									0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest mean	Lowest mean	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
AT1G21240.1	WAK3 - wall associated kinase 3	3.00E-06	Infinity	31	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4001	33752
AT5G36210.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.45E-04	1.77	104	3	3	2h	0h	116364	107826	195838	201644	157267	157413	124526	129939	131185	133888	133893	132802	131254	111170
AT5G63680.1	Pyruvate kinase family protein	1.59E-04	10.40	413	9	4	24h	10h	28462	32483	34411	36258	30830	32796	33596	49858	35082	42066	31410	25019	203315	383290
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	1.74E-04	7.86	355	8	7	24h	0h	70304	87245	104154	76158	107934	101243	103111	107227	136336	156961	126572	73540	543331	694753
AT4G14030.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	1.87E-04	1.50	618	10	6	10h	6h	381862	380489	431622	387706	362600	364826	316198	318445	469245	433572	457535	492461	466030	481215
AT1G26390.1;AT4G20800.1	FAD-binding Berberine family protein	2.23E-04	68.68	601	11	7	24h	2h	37923	22240	13811	21408	11950	31794	23799	24794	23010	15950	31264	31980	676413	1742272
AT5G02780.1	GSTL1 - glutathione transferase lambda 1	3.06E-04	62.77	187	3	3	24h	2h	6638	6724	6936	2486	3669	9663	6654	6371	13113	22463	13597	11413	219896	371505
AT5G56350.1;AT3G04050.1;AT4G26390.1	Pyruvate kinase family protein	3.15E-04	4.07	510	13	12	24h	2h	457042	495161	395726	523000	443066	476772	541911	564952	505327	586186	546614	439744	1505903	2232007
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	3.85E-04	4.22	2604	35	20	24h	0h	4763052	5288992	5883158	6309573	5462526	4908915	5175377	5193122	5364944	6009124	7146947	5073728	16699893	25673589
AT5G19680.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	4.75E-04	8.10	30	1	1	24h	2h	9905	14547	7095	10120	7966	10011	10997	14377	14827	23634	14033	9762	68068	71426
AT1G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	5.26E-04	8.27	131	3	3	24h	4h	29345	26373	38439	27948	22778	22722	32180	30487	39628	30948	27393	24430	122562	253693
AT2G45220.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	6.37E-04	33.30	526	6	5	24h	10h	89271	42929	41798	54711	26333	52219	28581	40477	58034	49170	35946	28140	584280	1549625
AT5G59400.1	GLN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	6.59E-04	21.55	91	1	1	2h	24h	76277	85724	101964	68808	84495	63015	60411	51685	51853	30633	25132	73313	3264	4659
AT3G48730.1	GSA2 - glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase 2	7.34E-04	2.61	1538	24	12	2h	24h	2938321	3158446	3187829	3405190	3256675	2552388	2568075	2178083	2557991	2418585	2666236	2805725	1428983	1101587
AT1G72160.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	8.00E-04	966.24	22	1	1	0h	24h	42843	20227	8613	19356	2950	19632	8946	24375	12291	16524	2249	9799	49	16
AT3G28930.1	AIG2 - AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	9.79E-04	4.97	76	3	3	24h	10h	54181	73739	58977	67490	62796	69537	74593	78057	54386	104905	58360	58639	306811	274663
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	1.11E-03	1.95	841	14	13	24h	0h	1319269	1261577	1394779	1483739	1417686	1429992	1458824	1607046	1676913	1406263	1616485	1353562	2392754	2643211
AT2G21620.1;AT2G21620.2	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.13E-03	3.26	320	6	6	24h	6h	237034	236119	229770	245238	254125	234087	173791	204687	299729	352014	220173	170766	490362	743737
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	1.18E-03	9.17	917	18	6	24h	0h	126277	135440	224937	190754	166268	153692	147494	233219	234931	177955	256172	108570	1185741	1214401
AT5G59420.1	ORP3C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 3C	1.26E-03	5.22	188	5	5	24h	0h	56558	62275	87725	130234	57885	71597	69267	86330	80149	144812	61124	65951	282384	338251
AT3G13610.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.62E-03	39.72	30	1	1	24h	0h	1112	1068	2501	1081	3720	1225	809	1407	2737	1859	1248	1719	61758	24831
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.93E-03	10.89	171	2	2	2h	24h	105421	73797	111836	138952	71371	80117	66061	79943	57670	72270	33563	76272	15142	7896
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	1.96E-03	2.84	386	8	8	24h	10h	307802	363268	405994	442001	317192	288454	314393	441598	354548	413063	338829	255947	777608	909874
AT2G22430.1	NAPRT2 - nicotinate phosphoribosyltransferase 2	2.21E-03	4.36	70	2	2	24h	0h	10205	11343	21634	32663	31470	27867	24727	30851	28019	28232	30159	20819	41129	52927
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	2.53E-03	2.01	388	6	6	2h	24h	382919	343904	471248	428383	434054	340628	292295	309759	441889	386091	341779	368407	241685	206059
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	2.86E-03	38.81	543	8	8	24h	4h	55703	94333	44023	117634	38008	62351	65017	84515	157762	364757	174452	49906	1483427	2411776
AT3G61080.1	Protein kinase superfamily protein	2.90E-03	13.38	50	1	1	24h	10h	17943	29494	19958	32238	27446	19571	25356	24349	26849	52847	23632	19074	157780	413509
AT5G19140.1;ATSG19140.2	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	3.11E-03	1.82	451	7	7	0h	10h	1267011	1324892	1026698	1227689	797449	892735	952504	1012710	954285	949462	642156	784738	1074540	985474
AT5G05340.1	Peroxidase superfamily protein	3.14E-03	30.50	298	5	4	24h	6h	15030	14505	12273	28214	29660	11083	7620	12483	21044	36557	16720	5694	229395	383707
AT1G76140.1;AT1G76140.2	Prolyl oligopeptidase family protein	3.19E-03	2.08	226	5	5	24h	4h	233400	287532	271208	239952	266092	231376	236114	293303	248628	280914	339065	283246	541375	495120
AT4G20830.1;AT4G20840.1	FAD-binding Berberine family protein	3.56E-03	8.02	653	12	11	24h	4h	87352	151644	119956	156095	90037	126203	156126	169720	139888	234547	184552	94482	686456	1047227
AT2G31170.1;AT2G31170.2	SYCO ARATH - Cysteinyl-tRNA synthetase, class Ia family protein	3.67E-03	2.98	123	4	4	24h	2h	49256	40606	36607	35390	44246	29088	55509	39907	40923	35978	54682	45998	98338	115981
AT4G34120.1	CYP71A27 - Cytochrome P450 superfamily protein	3.79E-03	1.88	329	5	5	24h	10h	725057	817802	686251	769968	607019	693287	736673	855545	1093355	882651	632686	650448	1306503	1101211
AT1G06290.1;AT3G06690.1	ACX3, ATACX3 - acyl-CoA oxidase 3	3.83E-03	2.79	155	3	3	24h	10h	22513	23697	27491	25855	18502	27790	27837	35964	31497	36530	24619	22505	54055	74862
AT4G01370.1;AT1G01560.1;AT1G01560.2;AT2G	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	3.85E-03	2.71	159	5	5	24h	10h	86129	131929	89897	91936	105278	132662	148913	102045	140961	92727	86407	230274	255814	
AT1G56450.1	PBG1 - 20S proteasome beta subunit G1	3.91E-03	1.82	250	4	4	24h	4h	392857	468387	439385	476174	390662	433587	447654	500653	490074	548452	435242	474081	682477	815427
AT1G60740.1;AT1G65970.1	Thioredoxin superfamily protein	4.25E-03	38.71	427	8	5	24h	0h	54007	54309	70272	53994	76998	61944	164452	304066	788301	495099	549432	65007	1857233	2335520
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.26E-03	8.27	462	9	7	24h	2h	195719	195058	148564	157514	142140	181813	242783	335060	267255	217188	307884	116002	913283	1618564
AT2G31570.1	ATGPX2, GPX2 - glutathione peroxidase 2	4.28E-03	5.95	135	4	3	24h	10h	72029	107028	118843	94242	106398	101338	134950	91444	129837	120887	49329	99328	526366	358061
AT1G00490.1;ATG2G07732.1;ATMG00280.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	4.32E-03	1.62	4998	69	69	2h	24h	2610514990	2232917378	2334211388	2583770019	2529725918	2159399809	2102526478	1973327654	2322672331	2301541401	2233263649	2023550921	1584715689	1444820696
AT5G45340.1	receptor-like protein kinase-related family protein	4.34E-03	8.80	498	8	8	24h	4h	146562	169732	124752	202692	117369	175957	217515	293723	194003	315303	224397	119165	853460	1728828
AT2G02010.1;ATSG17330.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	4.68E-03	8.36	1271	20	9	24h	4h	357039	352010	292120	376369	351582	316506	406097	515517	823682	736470	832558	283352	1970796	3614196
AT2G43590.1	Chitinase family protein	5.07E-03	57.28	481	6	5	24h	2h	19213	30754	12120	37405	31771	24360	27910	33665	60069	103804	134211	70942	392137	2444631
AT2G30110.1;ATSG06460.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	5.14E-03	2.39	858	12	12	24h	4h	499444	630864	601893	620451	491493	548428	545298	551288	691474	751702	701659	494228	1071134	1410964
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	5.21E-03	8.47	1689	26	25	24h	4h	1426624	1621053	1510289	2054546	1516217	1521833	1985677	2155406	2838190	3030696	3928625	1157107	10741902	14983530
AT2G17420.1;AT4G35460.1	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	5.25E-03	2.54	455	7	7	24h	0h	389128	497599	468032	512571	455442	456106	521937	487646	546937	566809	557849	370617	958652	1290341
AT1G48520.3;ATG48520.1;AT1G48520.2	GATB - GLU-ADT subunit B	5.34E-03	2.24	209	4	3	2h	24h	98192	126418	144855	123855	122266	105956	109972	147293	108110	99245	100981	100959	64152	55863
AT5G05730.1;ATG29690.1;ATSG05730.2	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	5.70E-03	16.24	867	14	14	24h	4h	136391	173193	123774	213284	108422	131907	142160	179311	271256	391720	407916	111839	1271310	2630710
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	5.90E-03	2.12	576	9	5	24h	10h	451573	476003	491945	478247	506688	387745	461297	586924	433925	536331	450387	409563	836946	984669
AT5G08300.1;ATSG23250.1;ATSG23250.2	Succinyl-CoA ligase, alpha subunit	6.16E-03	2.32	487	8	8	24h	0h	686275	671242	758391	779596	712606	825904	754223	917457	751752	819112	796443	595856	1314531	1836234
AT4G38220.2;ATG38220.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	6.27E-03	1.47	343	8	7	24h	2h	509094	527337	371038	383574	488934	536423	516451	480419	447189	430068	518139	498222	501068	605029
AT5G54500.1;ATG27270.1;ATSG54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	6.32E-03	7.79	401	6	6	24h	4h	625178	804725	686239	834725	670260	741332	599703	1232986	1300815	1366697	1265976	443572	4630326	6371494
AT5G39050.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	6.42E-03	27.70	256	6	6	24h	0h	8679	15358	19149	36390	20344	12736	20571	17429	59610	64312	32625	7836	167864	498015
AT3G02360.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	6.66E-03	2.62	742	13	8	24h	0h	192129	205175	238530	167940	264268	286154	300004	284676	274388	215817	329663	221483	530620	508715
AT3G09840.1;ATG53230.1;ATSG03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	7.05E-03	2.89	1624	29	29	24h	0h	1387570	1728025	2290906	1782127	2092506	1835711	2166524	2264463	2745215	2162005	2455624	1810101	5170649	3830105
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	7.36E-03	1.48	3042	35	19	0h	24h	62804960	56008419	56485028	57596972	56708959	58384739	52945612	55732335	61318113	56114705	52992870	59232394	43495594	36548955
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	7.51E-03	2.37	665	13	13	2h	24h	1054807	1403992	1448219	1261111	1543234	1042149	1167848	1061796	1266262	1049800	1221187	1304603	560773	584437
AT1G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	7.65E-03	6.54	553	10	10	24h	4h	807261	1153049	652405	988727	749123	740064	910551	1119983	1249961	1545684	1492579	646728	3531415	6204312
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	7.92E-03	17.87	470	9	5	24h	2h	22020	29922	22496	28305	27129	29387	31764	36082	53272	89183	151228	30673	279720	628112
AT3G15356.1;ATG53080.1	Legume lectin family protein	7.95E-03	4.13	652	11	9	24h	4h	680386	604977	556160	683285	375463	746707	739812	932711	1065545	966829	681643	565327	1745768	2886658
AT2G43750.1	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	8.24E-03	1.36	1383	19	16	8h	24h	8976145	8169429	8623140	8605549	7796757	8611496	7459163	7115561	9797414	9060819	8282731	7482341	7114407	6800817
AT1G18410.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	8.40E-03	11.32	26	1	1	24h	0h	18317	34436	40161	50731	44082	40410	46940	47914	120777	86778	130381	35896	252732	344398
AT1G09780.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	8.44E-03	1.31	1313	23	14	24h	0h	1541687	1465283	1885767	1774817	1670410	1666173	1532268	1700578	1767715	1785454	1786707	1617952	2008257	1933879
AT5G27110.1	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger) family protein	8.86E-03	4.23	26	1	1	24h	0h	15784	25451	31418	22398	24325	28672	36837	23128	25645	32579	34194	22618	96751	82730
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	8.99E-03	2.91	1514	25	18	24h	0h	666125	837707	711550	1016817	830228	912384	840062	879601	947743	1175971	928899	708692	1737664	2640846
AT1G21065.1	unknown protein	9.72E-03	1.88	34	1	1	4h	24h	54969	53743	61864	78010	75205	65596	73477	55579	46905	54825	64314	65386	34533	40173
AT5G58250.1	unknown protein	9.72E-03	1.59	69	1	1	8h	10h	491859	414595	455893	469894	349698	326108	362809	447189	535131	447650	322871	296743	496919	456529
AT2G21330.1;ATG21330.2;AT2G21330.3	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	9.85E-03	1.42	3374	40	23	2h	24h	52441647	46582828	52826329	54458645	51740874	50032841	48005549	43966138	50136089	55412165	50446160	46778067	35387304	40139263
AT5G24200.1;ATG24200.3	Cupredoxin superfamily protein	9.85E-03	4.03	1559	24	17	24h	4h	3851125	4096400	3514958	4555505	3648771	3741261	3689355	5090585	5064493	5560905	5718931	3104412	10804401	18954175
AT4G36380.1	ROT3 - Cytochrome P450 superfamily protein	1.02E-02	31.59	26	1	1	24h	2h	9538	7529	3207	7305	4635	6258	6890	5743	5447	34546	4126	6811	83290	248755
AT2G38860.1;ATG38860.3	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.02E-02	29.72	194	5	5	24h	4h	8235	16885	11033	23911	10127	13295	20334	23570	29009	52297	60901	9171	264614	431584
AT1G75270.1	DHAR2 - dehydroascorbate reductase 2	1.05E-02	2.20	180	5	5	24h	4h	93411	122033	82721	104136	82015	81641	129392	114198	101463	115093	96522	83242	153994	206687
AT5G07260.2	START (StAR-related lipid-transfer) lipid-binding domain	1.08E-02	1.65	33	1	1	24h	6h	280478	258999	243760	295936	217169	275988	199052	197813	314034	295743	244451	245516	336181	320292
AT1G08940.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.08E-02	Infinity	37	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1277	0	9476	28133
AT4G29060.1;AT4G29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	1.10E-02	1.83	2298	37	37	0h	24h	11002746	9861913	9953335	9886202	10631932	9168720	9119608	8343911	10437240	8229197	7493646	8774479	5354215	5049215
AT2G33590.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.15E-02	31.60	176	3	1	24h	8h	2017	1444	187	172	588	1264	471	615	262	43	780	1094	1816	7824
AT5G59890.1;ATSG59890.2	ADF4, ATADF4 - actin depolymerizing factor 4	1.18E-02	32.24	152	2	1	24h	4h	4732	12584	1537	6640	2405	1168	15932	6973	12739	23828	11447	10170	37297	77926
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	1.25E-02	7.56	646	9	7	24h	10h	693992	837667	627642	1212073	328420	1007717	832630	1174886	1845203	1784904	550490	486543	3004769	4834527
AT1G78570.1;AT1G53500.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	1.30E-02	3.41	282	6	2	24h	0h	33434	61405	57229	67407	76121	48002	81343	84632	92565	81899	76231	98031	158380	164561
AT4G38460.1	GGR - geranylgeranyl reductase	1.33E-02	2.40	191	4	4	4h	24h	117153	105340	113970	95683	138125	102281	127784	107536	124891	93106	83246	105721	58052	42237
AT1G07490.1	SOT18, ATSOT18, ATST5B - desulfo-glucosinolate sulfotransferase 18	1.38E-02	2.26	141	3	1	0h	10h	45738	62731	33993	49800	31287	32435	45243	43936	34986	40279	22294	25715	34926	32136
AT5G20960.1	AAO1, AO1, ATAO, AT-AO1, AOalpha, AtAO1 - aldehyde oxidase 1	1.39E-02	15.28	259	5	5	24h	2h	7305	8022	9974	5022	8942	7551	10337	8869	12476	6783	13498	3386	56994	172176
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	1.42E-02	12.99	359	5	5	2h	24h	83858	315019	359201	408794	382976	259597	226913	258670	226494	148703	129863	330312	36546	22558
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	1.47E-02	1.56	1376	22	21	2h	24h	2331526	2419313	2590998	2688334	2597403	2403744	2120001	2290674	2605962	2377563	2243383	2247598	1924324	1452844
AT2G20760.1;ATG51890.1	Clathrin light chain protein	1.49E-02	5.76	108	2	2	24h	10h	290272	279101	299032	173571	170470	265125	341741	282046	318643	299270	147685	64054	712967	507344
AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	1.52E-02	2.68	421	9	1	8h	24h	31403	31863	47013	44243	34459	33502	37033	41449	59585	33753	42958	31604	19493	15309
AT1G10140.1	Uncharacterised conserved protein UCP031279	1.54E-02	Infinity	79	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1468	0	0	6203	13056
AT5G51830.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.54E-02	14.85	159	3	3	24h	2h	17779	30422	9224	13115	13533	14093	20257	28126	33925	50326	56833	11129	128446	203314
AT5G41970.1	Metal-dependent protein hydrolase	1.55E-02	1.64	228	7	7	24h	8h	121030	108741	97044	112676	129235	112719	129439	137277	113571	93166	131532	135638	153231	186777
AT3G13750.1;AT1G45130.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	1.55E-02	4.67	568	10	9	0h	24h	924569	495099	492353	495392	419083	441041	409999	308591	371357	407264	309887	369428	205845	97925
AT3G48000.1;AT1G23800.1	ALDH2B4, ALDH2, ALDH2A - aldehyde dehydrogenase 2B4	1.56E-02	1.39	917	15	14	24h	0h	2391064	2447205	2762744	2905886	2567317	2902118	2431041	2777114	3040500	3365201	3204095	2828984	3352547	3372835
AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	1.60E-02	48.23	156	2	2	24h	4h	2986	5186	2108	6300	3420	2739	5441	12032	3643	13307	20109	2691	118864	178203
AT5G56660.1	ILL2 - IAA-leucine resistant (ILR)-like 2	1.61E-02	2.14	41	2	1	24h	4h	5538	6040	5231	6183	4254	4387	6458	8560	7165	5555	7458	5953	8487	9990
AT3G60750.1;ATG60750.2	Transketolase	1.62E-02	1.41	3551	51	38	0h	24h	124112316	113481548	104500201	109923724	111376157	101223040	106040549	99412422	108480436	99683049	107677657	110107296	90216578	78432988
AT2G24850.1	TAT3, TAT - tyrosine aminotransferase 3	1.63E-02	Infinity	63	1	1	24h	2h	0	727	0	0	2539	666	1080	3146	6837	6207	3714	954	29130	4547
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	1.65E-02	1.73	1334	23	22	0h	24h	12052082	10665429	10402828	9331328	10510897	9311839	10775140	8542959	9853092	9455473	9588539	11576178	6895232	6201891
AT3G50270.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	1.66E-02	1.49	90	2	2	24h	2h	112792	128188	78779	95795	86502	89809	103461	108261	97459	78983	86803	92207	119489	140668
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	1.66E-02	1.88	242	7	7	24h	4h	698236	709461	497312	729986	487450	616370	699813	688096	657834	729522	560724	565588	1007168	1072186
AT5G35360.1;ATG35360.2;ATSG35360.3	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	1.68E-02	1.35	937	17	17	2h	6h	2731353	2500920	3204113	2795765	2685019	2490559	2233067	2216092	2976200	2625156	2542432	2785453	2256786	2215332
AT1G47990.1	ATGA2OX4, GA2OX4 - gibberellin 2-oxidase 4	1.70E-02	Infinity	21	1	1	24h	2h	15461	17670	0	0	0	0	8350	0	1396	6582	1183	8746	13698	35967
AT1G70310.1	SPDS2 - spermidine synthase 2	1.71E-02	1.55	550	10	6	2h	0h	356955	388767	624697	532268	540701	439628	390741	432022	607459	498639	582411	542668	444733	469813
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	1.74E-02	2.43	233	4	4	24h	0h	100809	88884	162542	129487	115373	146911	119101	172370	175502	140430	112308	99413	201468	259099
AT4G15900.1;AT3G16650.1	PRL1 - pleiotropic regulatory locus 1	1.78E-02	2.44	26	1	1	24h	0h	7328	9396	7961	9327	11229	9876	12399	15407	14675	11634	15039	9135	21063	19756
AT5G57890.1;ATG25220.1	Glutamine amidotransferase type 1 family protein	1.88E-02	24.14	122	3	3	24h	2h	22343	27069	5801	22217	12992	17767	42085	22590	37378	65833	56499	11696	206561	469908
AT4G33030.1	SQD1 - sulfoquinovosyldiacylglycerol 1	1.92E-02	2.05	708	11	11	2h	24h	401483	330628	471247	459564	411172	472161	348995	419752	442164	300088	365203	308960	229887	224290
AT1G20795.1	F-box family protein	2.04E-02	Infinity	50	2	1	24h	2h	0	4762	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8540	96890
AT4G03520.1;AT4G03520.2	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	2.04E-02	1.82	370	5	5	2h	24h	3297395	3405931	3240440	4049370	2955156	2473032	2689124	2508026	3094096	3569886	2387028	2606767	2337933	1675645
AT4G39970.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	2.05E-

AT1G18500.1;AT1G74040.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	2.06E-02	2.77	448	8	7	0h	24h	346897	376588	360018	226468	333457	264647	315715	302992	292312	203206	247940	328294	148390	112392
AT3G17390.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	2.08E-02	2.20	1804	23	13	24h	0h	3803777	4600770	7009639	4974559	8092179	6056091	7197023	5800946	8972005	6925191	10050884	8248655	9346799	9159963
AT4G16760.2;ATG35690.1;AT4G16760.1	ACX1 - acyl-CoA oxidase 1	2.12E-02	3.57	616	12	12	24h	0h	425142	537088	464648	573587	467933	542396	398608	602797	571608	921817	589495	414099	1194719	2244164
AT5G17870.1	PSRP6 - plastid-specific 50S ribosomal protein 6	2.12E-02	2.05	69	1	1	24h	4h	599250	834685	353777	414995	336976	385299	429553	447886	453552	690125	601108	453667	729756	751942
AT2G15220.1;ATG15130.1	Plant basic secretory protein (BSP) family protein	2.15E-02	135.70	245	4	4	24h	2h	14000	1908	1674	847	11994	12861	5640	5429	15413	3371	14346	13097	48419	293777
AT5G15490.1;ATG01010.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.15E-02	3.57	352	8	1	24h	0h	8233	16647	14694	25545	15636	16322	17184	15498	20743	26341	16000	16351	39626	49281
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	2.15E-02	1.65	2055	32	4	24h	4h	2599884	3214762	2398952	3081452	2511883	2629618	3517131	3841365	2848104	2787928	2538943	3183869	4115737	4392609
AT5G39730.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	2.17E-02	1.50	184	4	4	2h	24h	351201	336236	421600	454304	391115	410696	326493	440361	424422	418433	349430	327090	297482	286114
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	2.19E-02	2.11	241	5	5	2h	10h	245801	233880	205107	288942	174936	193278	182704	206434	210844	188077	94821	139458	193306	223436
AT4G19880.1;AT4G19880.2;AT5G45020.1	Glutathione S-transferase family protein	2.20E-02	3.75	217	5	5	24h	4h	33289	56487	43145	48018	28340	40203	46771	55256	67989	69989	46888	41217	86442	170428
AT5G07440.1	GDH2 - glutamate dehydrogenase 2	2.28E-02	7.10	146	3	1	24h	0h	10728	6174	10197	8233	12089	18661	19544	14791	16238	14228	10757	16622	30919	89098
AT4G38810.1;AT4G38810.2	Calcium-binding EF-hand family protein	2.42E-02	13.85	43	1	1	4h	24h	18236	17233	63546	25096	53426	52577	21002	58888	51400	14871	19399	33392	2534	5119
AT1G78370.1	ATGSTU20, GSTU20 - glutathione S-transferase TAU 20	2.45E-02	1.61	596	12	11	2h	24h	2399133	2401277	2686718	3346239	3034459	2660504	1900816	2235137	2388247	2420292	2406195	1954955	2009065	1740108
AT5G10560.1	Glycosyl hydrolase family protein	2.48E-02	2.54	191	4	2	6h	4h	21060	25379	18211	15405	11478	7232	21564	25937	19159	16139	15368	7928	21703	24657
AT1G54050.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	2.48E-02	1.60	1631	22	22	0h	24h	22582799	17922999	18282634	20342327	20464547	19294784	19185183	15406139	20639595	17776405	18406730	19045891	13124659	12117874
AT1G79210.1;AT1G16470.1	N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	2.50E-02	1.72	376	6	6	24h	0h	750206	712365	940990	845165	795842	846714	685219	855011	965736	856837	890469	730298	1114354	1397950
AT5G52810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.52E-02	2.93	88	2	2	24h	2h	66386	71939	45877	43999	49778	75557	86651	148252	65024	55156	75928	43555	140345	122985
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	2.54E-02	21.20	1236	22	10	24h	4h	887416	1588087	955084	1688659	894470	1550096	1951143	2640845	3312847	5720491	5456514	568573	19497931	32328367
AT1G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	2.66E-02	9.93	86	3	1	24h	2h	6804	13731	6481	14049	7393	18679	13418	15145	8714	29377	38107	22037	123055	80856
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.74E-02	2.17	373	7	7	0h	24h	779500	592051	584695	538751	553473	469901	537231	404862	553987	425900	510372	661777	310147	322021
AT4G03640.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	2.79E-02	2.41	121	2	1	0h	10h	19797	25847	17624	15217	13791	18338	19987	21738	21534	22856	7235	11710	24007	16311
AT2G44100.1;ATSG09550.1	ATGDI1, AT-GDI1, GDI1 - guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1	2.83E-02	1.68	339	7	4	24h	0h	55475	62502	71893	73512	101030	81970	63123	89360	81358	79456	67912	62418	96755	101923
AT5G51970.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	2.94E-02	1.19	774	13	13	2h	24h	2013884	2063774	2224597	2286703	2065560	2157986	1971617	2005287	2148021	2028174	2098363	2106888	1995708	1805587
AT2G05840.1;AT2G05840.2	PAA2 - 20S proteasome subunit PAA2	3.04E-02	2.28	509	11	4	24h	0h	103284	96420	121851	145214	136526	139092	103722	152100	146979	119494	136393	89884	219916	236296
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	3.10E-02	1.94	480	10	4	24h	6h	580655	758613	748198	900715	671661	655332	498131	716465	785841	915335	646349	621163	1029985	1328697
AT5G20250.4	DIN10 - Raffinose synthase family protein	3.12E-02	6.41	110	3	3	24h	10h	11004	23996	33838	14811	29722	22643	29322	21047	20430	21044	14420	18509	63923	147242
AT2G36880.1	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	3.13E-02	1.80	1704	23	15	24h	0h	1566990	2097664	2490733	1981410	2746480	2550099	2365195	2751900	3378348	2476363	3380349	3105994	3317752	3270279
AT1G56190.1	Phosphoglycerate kinase family protein	3.14E-02	1.23	2286	26	10	2h	24h	3932250	3800072	4295067	4172134	4034641	3942831	3749430	3687625	3770540	4105438	3466484	3903402	3380094	3520997
AT2G20610.1;AT2G20610.2	SUR1, HLS3, RTY, ALF1, RTY1 - Tyrosine transaminase family protein	3.15E-02	2.12	276	5	5	24h	0h	178507	227000	211799	244309	214074	248684	222901	279147	290745	251496	292361	196687	394928	466691
AT3G08590.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	3.22E-02	1.71	1365	25	17	24h	4h	1804765	1758199	1634359	1838186	1614436	1619531	1753669	1890111	1795327	2121458	2023964	1475919	2487954	3035017
AT3G17750.1	FOLB1 - Dihydroneopterin aldolase	3.23E-02	1.83	52	1	1	6h	24h	6221	9040	8044	7816	5940	5977	8899	9853	7675	7625	6974	5538	5706	4537
AT5G13650.1;ATSG13650.2	elongation factor family protein	3.26E-02	4.08	418	8	8	2h	24h	271543	594589	625997	639626	738599	515985	716454	520764	619617	460848	352165	616044	200042	110450
AT3G52990.1;ATSG52990.2	Pyruvate kinase family protein	3.35E-02	1.44	829	16	4	24h	6h	460409	473266	508273	613536	497007	469282	370941	460766	514494	553929	481068	469230	581243	619070
AT2G27450.2;AT2G27450.1	NLP1, ATNLP1, CPA - nitrilase-like protein 1	3.45E-02	2.44	21	1	1	2h	6h	25060	35827	45356	72220	41140	30031	23675	24481	40098	51634	26238	25154	28656	38099
AT5G48930.1	HCT - hydroxycinnamoyl-CoA shikimate/quinate hydroxycinnamoyl transferase	3.46E-02	1.91	24	1	1	24h	0h	28868	27321	48188	50304	61581	43856	41732	50631	48585	57917	47007	42102	62506	44610
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	3.50E-02	4.38	1066	14	12	24h	0h	113368	241442	232909	221683	242915	216190	234982	336090	402390	287435	413859	201085	649907	903172
AT3G51840.1	ACX4, ATSCX, ATG6 - acyl-CoA oxidase 4	3.51E-02	2.02	282	3	3	24h	10h	258222	242583	185219	245294	224259	207977	170002	255578	212946	238581	212237	167981	359583	410296
AT1G51760.1;ATSG52730.1	Translocon/VKOR/TMEM80 superfamily protein	3.57E-02	1.87	62	1	1	0h	8h	14378	13037	14890	11696	24647	18043	19288	17515	12364	10697	24949	18266	13570	17836
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	3.58E-02	3.45	1160	15	7	24h	4h	473147	512336	192754	394014	258778	248267	394734	251713	279065	470168	324254	321160	720238	1029820
AT2G43820.1	GT, UGT74F2, ATSAGT1, SGT1, SAGT1 - UDP-glucosyltransferase 74F2	3.60E-02	2.42	112	1	1	24h	6h	36398	42683	49017	49009	39390	61413	32774	33824	60900	64361	44732	22100	81080	79916
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	3.64E-02	2.39	1356	19	13	24h	4h	4896375	5825649	3578756	5879663	4524888	4625036	5374519	5149216	5243374	6583823	6876289	5017765	9120227	12727726
AT1G66070.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	3.64E-02	16.29	65	2	2	24h	10h	13438	14904	9617	23319	7559	13105	12136	19590	9215	14002	2670	4370	22630	92045
AT2G43910.1;AT2G43910.2;AT2G43910.3	ATHOL1, HOL1 - HARMLESS TO OZONE LAYER 1	3.68E-02	1.26	598	8	7	2h	24h	1759620	2058151	1874906	1953164	2009976	1808425	1732014	1740862	1881464	1860807	1884489	1866174	1589179	1457178
AT5G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	3.70E-02	1.67	1509	24	24	2h	24h	22519605	21026112	26919860	21005164	22922971	20645718	21076227	19692028	26177897	19725294	22681388	23960525	15603400	13134527
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	3.74E-02	6.49	25	1	1	24h	4h	7172	10066	9731	6123	6579	8817	10695	9728	26814	15423	30796	7350	39597	60380
AT5G23820.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	3.77E-02	1.82	89	2	1	2h	6h	132240	148423	164758	201531	133301	162436	78636	122160	148396	143043	120078	103267	103169	109229
AT4G13940.1;AT4G13940.2;AT4G13940.3;AT4G	HOG1, EMB1395, SAHH1, MEES8, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	3.79E-02	1.64	1838	32	12	24h	0h	3772933	4640827	6053557	5841840	6916084	5183478	5938383	6035551	6132618	5737667	6415612	6757613	7511317	6300023
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	3.79E-02	3.90	742	10	5	24h	4h	569215	987445	671408	989670	731274	692322	796365	1005969	1040249	1420952	1299264	733195	1936933	3621269
AT4G30550.1;ATG30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.80E-02	3.39	422	10	10	24h	4h	421885	766521	462005	683479	483532	654447	716822	877925	893624	991728	887225	519471	1426566	2628206
AT4G26910.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	3.90E-02	6.43	165	4	2	24h	8h	14098	9880	11006	3689	5576	8955	11921	7712	3899	9326	13150	12854	30285	54749
AT4G02520.1;ATG02930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	3.93E-02	3.51	1426	21	18	24h	4h	6655571	10194436	7651118	11243564	6963539	9537554	9680170	15390834	10657789	14583172	13806264	6658344	29700687	28143329
AT3G13235.3;ATG13235.1	ubiquitin family protein	3.99E-02	2.36	92	2	2	24h	10h	26975	47604	57378	57179	51075	38959	43817	49099	46855	46276	29293	34362	63863	86244
AT1G08830.1;ATG18100.1	CSD1 - copper/zinc superoxide dismutase 1	4.08E-02	3.00	337	7	6	24h	6h	955025	679140	763305	837414	629413	806605	417037	898302	650094	756296	936869	1626059	1866659	2076057
AT2G38230.1;ATG38210.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	4.09E-02	2.07	785	10	8	4h	0h	486109	607833	1068833	818688	1345404	914363	967615	847909	1067486	869691	1126148	937240	962461	1027968
AT5G03690.2;ATSG03690.1	Aldolase superfamily protein	4.10E-02	2.09	459	8	1	4h	0h	43384	42819	71827	63716	94369	86150	65743	77763	54088	67214	87121	87415	79886	44595
AT4G17595.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	4.14E-02	2.02	103	2	2	24h	4h	180141	205921	115277	174721	134894	129835	179895	154033	178817	179416	143281	159343	220171	315320
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	4.20E-02	2.26	176	4	4	0h	4h	375352	302550	172894	216727	124960	175537	256247	202843	189192	230035	123297	190580	222701	198967
AT3G55580.1;AT1G35580.3	CINV1 - cytosolic invertase 1	4.21E-02	4.04	168	4	3	24h	10h	18371	39583	46008	66891	19572	29230	25840	24642	31394	54307	29907	15557	69371	114218
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	4.23E-02	1.37	905	16	15	0h	24h	4017925	3857077	4162358	3663688	3925661	3506075	3402412	3340030	3824593	3068300	3637016	3624594	2916737	2815287
AT3G19010.1;AT3G19010.2;AT3G19010.3	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.25E-02	6.67	626	12	12	24h	0h	152806	233024	189658	208211	170113	322390	289166	497241	592184	477972	615103	166547	924368	1648293
AT5G01440.1	PQL1, PQL2 - PsbQ-like 1	4.27E-02	5.92	95	1	1	24h	4h	26643	20520	7924	10291	5027	8251	17532	14904	8680	14881	4069	15071	28366	50261
AT1G33600.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	4.27E-02	2.46	392	7	6	24h	4h	80012	104971	77416	138777	71785	90092	69150	105867	130942	123256	84701	91272	183148	214542
AT5G54430.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.30E-02	1.82	304	5	3	24h	10h	173879	179050	225502	224359	168371	188020	186929	207096	240509	194644	119125	161325	214479	294674
AT3G53580.1	diaminopimelate epimerase family protein	4.35E-02	1.84	503	8	8	4h	24h	480788	582754	561757	661652	700273	597248	429895	532594	551064	509038	579274	534871	417316	289132
AT4G32180.1	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	4.36E-02	2.04	35	1	1	24h	4h	25373	28736	20470	26305	18854	19084	26539	27686	22716	34228	20698	17916	31769	45483
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTU13, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	4.41E-02	19.59	3360	24	11	24h	4h	1446150	3106673	1311300	3825019	1309930	2601126	3635161	4463360	5446871	10160173	8602013	912847	30839914	45764293
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	4.42E-02	2.30	172	4	3	24h	10h	54830	55469	61919	72158	52950	70755	67888	46489	56940	53163	39553	44682	115902	78222
AT5G24420.1	PGL5 - 6-phosphogluconolactonase 5	4.42E-02	7.71	113	2	2	4h	24h	65228	82099	43991	83019	84562	114388	27416	58228	46648	101098	67303	20924	13735	12073
AT1G17890.1;AT1G73250.1	GER2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.44E-02	5.05	77	2	2	24h	4h	15462	57254	61012	55903	11535	18387	22033	23282	37770	71186	20717	19801	58291	92898
AT1G24100.1	UGT74B1 - UDP-glucosyl transferase 74B1	4.51E-02	2.39	223	5	5	24h	4h	165285	188463	137173	130555	131694	116127	118623	153275	202734	148907	155224	94881	228670	363013
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	4.55E-02	2.63	72	1	1	2h	24h	21562	32284	47601	28298	43991	25781	29516	31794	20695	19254	26785	27498	14209	14677
AT2G05220.1;ATG04390.1;AT3G10610.1;ATSG	Ribosomal S17 family protein	4.56E-02	2.11	79	2	2	2h	0h	106541	137395	290068	224569	218423	192682	253413	163888	165742	210672	185732	197143	316705	143968
AT1G50200.2;ATG50200.1	ALATS - Alanyl-tRNA synthetase	4.58E-02	1.46	546	11	11	24h	4h	521703	509019	398892	452257	393309	421768	449403	416393	404424	420784	384773	437089	503616	685719
AT5G52430.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	4.58E-02	2.29	23	1	1	10h	24h	1242350	1018236	1165594	1100102	1016516	1106944	972935	968011	917575	874415	1352417	1289623	777045	377588
AT4G17530.1;AT1G02130.1	RAB1C, ATRAB1C, ATRABD2C - RAB GTPase homolog 1C	4.64E-02	2.06	67	2	2	24h	0h	41971	35650	44520	67944	53222	46523	68072	49751	59566	57093	50425	55053	79967	80146
AT5G05780.1;ATG11270.1;AT3G11270.2;ATSG	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	4.70E-02	2.51	211	4	4	24h	0h	34096	71235	64301	43836	69348	46261	99387	87292	52715	57616	54994	66471	122937	141958
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	4.71E-02	4.72	89	2	1	0h	24h	49855	32948	28474	41884	38144	30330	27991	23821	26224	15923	17119	50733	9980	7566
AT4G01480.1;ATG01050.1;AT2G46860.1	ATPPa5, PPa5 - pyrophosphatase 5	4.83E-02	1.49	411	6	6	8h	24h	503989	419380	643972	624908	572291	653534	411211	583026	668339	635279	435569	515039	436614	436386
AT2G02500.1	ISPD, ATMEPCT, MCT - Nucleotide-diphospho-sugar transferases superfamily protein	4.87E-02	1.50	85	2	2	0h	24h	77106	64173	65347	72666	68679	70013	80437	59651	59005	65401	59686	54393	48875	45326
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	5.00E-02	1.40	2101	29	27	24h	4h	19575168	18704541	19039547	20574640	19341752	18247307	17728082	20899147	22715849	18233713	20238891	17752861	26304691	26448587
AT5G03290.1	IDH-V - isocitrate dehydrogenase V	5.02E-02	2.14	177	2	2	6h	10h	46829	50770	77416	70179	60654	59662	64550	90297	63216	80266	31872	40401	81724	47799
AT5G40370.1;ATSG40370.2	Glutaredoxin family protein	5.03E-02	1.81	434	6	6	24h	10h	773444	767945	705156	596310	569177	643997	697037	816996	984559	801820	680655	468554	1184511	890983
AT5G07020.1	NMT1, ATNMT1 - myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase	5.13E-02	1.81	178	3	3	24h	10h	67412	57251	58948	72284	40437	53496	52366	57136	52464	76603	43060	50203	83005	85455
AT3G27740.1;ATG27740.2	CARA - carbamoyl phosphate synthetase A	5.15E-02	2.14	228	5	5	8h	24h	302337	330702	352870	325116	338862	322570	301694	301616	440161	271887	277730	336111	206024	127393
AT1G74210.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	5.16E-02	2.07	21	1	1	6h	10h	3337	4679	3686	5136	3898	4060	5385	5427	3171	4287	2608	2617	3765	2986
AT5G20010.1;ATSG20020.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	5.19E-02	1.54	827	13	13	24h	0h	3604629	4039190	4580059	4755211	4361316	4215338	4332142	4801366	6219015	4624090	4658879	3740275	5826028	5919191
AT1G53670.1;AT1G53670.2	MSRB1, ATMSRB1 - methionine sulfoxide reductase B 1	5.20E-02	2.24	138	2	2	2h	24h	96948	103587	159944	103299	96506	110530	109229	101105	154183	94693	62438	84782	64073	53220
AT2G32090.1;ATG32090.2	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	5.36E-02	2.49	108	2	2	2h	24h	68077	49722	88239	73711	87096	71915	48995	61686	68215	60054	87337	59430	42757	22253
AT3G45770.1	Polyketide synthase, enoylreductase family protein	5.37E-02	2.01	29	1	1	6h	8h	23125	14740	14603	9138	17851	20454	19979	25251	11631	10901	14884	12660	9740	13263
AT5G58770.1	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase family protein	5.38E-02	5.91	29	1	1	2h	24h	7470	4238	14159	12575	13077	6569	9277	7342	5608	9644	5490	9475	3422	1100
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	5.40E-02	5.49	541	6	6	2h	24h	2115503	3026722	3743633	2480240	2664647	2155855	1508797	1676501	1589441	797606	949032	3238611	436369	697516
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	5.43E-02	2.12	79	2	2	2h	24h	132185	149312	153608	180236	127490	90316	116500	104775	112537	127610	81532	116064	93874	63558
AT4G20860.1	FAD-binding Berberine family protein	5.44E-02	17.10	26	1	1	24h	10h	1592	1009	522	757	374	799	2821	654	652	1295	564	192	3033	9878
AT1G51710.1	UBP6, ATUBP6 - ubiquitin-specific protease 6	5.47E-02	4.54	68	2	2	24h	10h	29881	45288	38577	30577	24324	42962	47802	44807	51646	34518	10386	28826	81609	96384
AT1G79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	5.52E-02	1.33	1247	14	12	24h	10h	3803610	3883415	3459461	3975699	3699695	3664488	3807327	4081724	4063180	4415219	3511180	3703492	4325351	5290313
AT1G66410.1;ATG66410.2;AT2G27030.2;AT2G	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	5.57E-02	2.79	567	9	2	24h	4h	590808	673259	452522	470418	366185	465817	424135	527408	455129	589993	481468	464848	730246	1594376
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	5.61E-02	2.37	236	4	4	2h	24h	162892	131315	211514	160407	136244	145117	158642	168410	167539	136873	74412	129538	98141	59111
AT1G60420.1	DC1 domain-containing protein	5.67E-02	2.32	39	1	1	24h	0h	10676	18695	22779	28465	15961	20653	20410	21066	21071	22535	20043	15485	39295	28800
AT5G18070.1	DRT101 - phosphoglucosamine mutase-related	5.67E-02	1.68	21	1	1	4h	24h	475438	364472	373129	402976	527629	436200	492639	391138	335397	402953	387107	356618	290189	282286
AT1G08560.1	ATMD2, IMD2 - myo-inositol-3-phosphate dehydrogenase 2	5.78E-02	1.84	363	5	5	2h	4h	82760	72251	107453	89662	51873	55340	54780	70727	87955	103096	86577	57003	66578	45843
AT1G71697.1	ATCK1, CK, CK1 - choline kinase 1	5.82E-02	9.52	36	1	1	24h	4h	1630	3960	1518	5928	2562	2385	3811	3472	2471	10798	3048	2733	20903	26164
AT4G34180.1	Cyclase family protein	5.91E-02	2.37	120	3	3	24h	4h	207183	223713	233892	227926	170825	211983	176989	289707	259417	317854	257921	165030	376018	531767
AT5G11520.1	ASP3, YLS4 - aspartate aminotransferase 3	5.94E-02	2.08	485	12	8	24h	10h	157197	240317	165905	236398	175376	217387	210248	213871	195434	229280	155227	221029	364579	416754
AT2G26540.1	HEMD, UROS, ATUROS, ATDUF3, DUF3 - uroporphyrinogen-III synthase family protein	5.96E-02	2.31	68	2	2	24h	4h	148894	191500	121346	170214	93565	100899	137478	112267	98460	148217	97181	112912	174126	275295
AT5G66190.2;ATG66190.2	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NAD(P)+-oxidoreductase 1	5.98E-02	1.86	1156	16	14	4h	24h	6423180	5945158	6692321	6331786	7516283	8162792	5702652	6645188	8007233	6133971	6727021	7883650	5162823	3265239
AT5G27430.2;ATG27430.1;AT3G27430.3;AT5G	PRB1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	6.

AT5G16230.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	6.42E-02	Infinity	112	3	2	24h	0h	0	0	0	0	0	1	704	0	0	2208	0	0	10817	50908
AT4G17720.1,AT5G46870.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.43E-02	49.78	87	3	2	24h	2h	4959	4053	176	974	656	3034	409	1051	734	4715	1957	1924	7788	49474
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	6.44E-02	1.76	270	5	4	24h	0h	144366	182989	209746	230755	195550	167321	179668	167357	176388	267558	146274	188411	301965	273448
AT4G23980.1	MI-1-P SYNTHASE, MIPS1, ATMIPS1, ATIPS1 - myo-inositol-1-phosphate synthase 1	6.44E-02	2.61	63	1	1	24h	0h	11587	19571	24062	14351	28453	25676	33945	33988	44225	23015	32619	33220	36223	44970
AT4G37530.1	Peroxidase superfamily protein	6.46E-02	288.17	60	1	1	24h	10h	539	457	3876	2209	199	601	1203	3836	2583	3486	636	0	64177	119149
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	6.47E-02	1.27	414	8	7	2h	0h	1238162	1422857	1614700	1754538	1629751	1455689	1308974	1486349	1559825	1642130	1513526	1505567	1410302	1292552
AT1G07890.1	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	6.49E-02	1.65	1413	17	17	24h	4h	11103677	12095226	10701943	13237747	10665651	11210223	11150582	14729908	14299307	14197282	12860585	9215616	16813042	19321632
AT2G23140.1	RING/U-box superfamily protein with ARM repeat domain	6.52E-02	2.08	46	2	1	0h	24h	99616	101974	89863	94318	103057	78138	101036	66631	98711	88336	72088	86786	59806	37175
AT4G05160.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	6.63E-02	2.96	236	5	5	24h	4h	102091	63740	141141	133724	45399	109319	87814	138013	161363	127088	70236	91450	196355	261227
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	6.67E-02	3.32	290	5	5	24h	10h	92867	175048	102998	150545	121568	127512	114701	182193	133715	212659	136032	98027	285059	492803
AT4G32915.1	unknown protein	6.67E-02	2.87	36	1	1	2h	24h	30351	22460	55423	36600	36641	40666	34377	27147	49926	40154	21373	27180	23217	8794
AT2G04690.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	6.73E-02	3.61	93	2	2	24h	2h	118855	74950	25840	33639	39898	47373	80850	46990	26119	53960	39953	64580	74460	140408
AT3G51160.1,AT5G66280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.74E-02	2.26	231	5	4	24h	0h	296201	256536	328740	337575	320157	332686	261803	315920	505172	447644	544999	247164	601569	645162
AT3G48460.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.75E-02	3.26	42	1	1	10h	24h	55869	38411	13971	22854	25985	37409	42465	29847	18938	30508	44682	50311	21571	7547
AT1G11650.1,AT1G11650.2	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.79E-02	1.65	55	1	1	2h	8h	8794	14278	14103	13928	10260	8862	11633	12725	8630	8353	7739	9640	12268	12803
AT5G50250.1	CP31B - chloroplast RNA-binding protein 31B	6.86E-02	1.79	159	4	4	24h	4h	594818	508088	361969	403536	240054	381693	440531	436134	477938	432453	308034	381097	460601	651904
AT1G09640.1,AT1G09640.2	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	6.88E-02	1.38	950	16	8	24h	10h	878543	1100120	1020924	1201988	1049950	882495	998473	1000816	1216489	1180217	958673	889702	1215893	1342358
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	6.91E-02	2.01	140	4	2	6h	24h	222766	164965	228850	161968	219986	242421	212314	292568	175059	142139	194276	223713	143257	107589
AT5G03610.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.96E-02	14.34	23	1	1	24h	0h	1486	1311	4401	831	6358	2353	3592	2251	1295	3155	2516	2339	10571	29538
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	7.00E-02	2.07	410	8	8	0h	10h	1029444	809636	536626	421989	442751	635820	581236	705714	627830	649729	470246	418904	638924	1153989
AT3G01500.2,AT3G01500.3	CA1 - carbonic anhydrase 1	7.06E-02	6.43	2354	32	1	2h	24h	121730	362624	353844	354826	225638	172499	148169	152301	91484	111560	64449	207595	74233	35899
AT3G45640.1	ATMPK3, MPK3, ATMAPK3 - mitogen-activated protein kinase 3	7.09E-02	3.31	26	1	1	24h	0h	4285	9472	6502	13357	8849	6290	15335	14315	23367	19763	10520	3480	26722	18843
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	7.10E-02	3.80	73	1	1	6h	10h	5872	10609	12264	14662	9002	10687	11064	20514	15583	7909	3152	5150	7235	3320
AT3G60820.1,AT3G60820.2	PBF1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	7.21E-02	1.43	244	4	4	24h	0h	240529	284625	307543	306143	298299	268325	269469	318860	291266	303787	262686	278244	337224	413559
AT1G31190.1	IMPL1 - myo-inositol monophosphatase like 1	7.24E-02	1.41	306	5	5	0h	24h	390901	473437	374912	429772	393556	351014	404590	352171	341431	365924	318986	353891	298678	316046
AT3G20390.1	endoribonuclease L-PSP family protein	7.25E-02	1.41	385	8	8	4h	24h	1392887	1385933	1479225	1620129	1612171	1513107	1248758	1398190	1246393	1585293	1296318	1074921	1197057	1025802
AT1G68560.1	ATVXL1, XYL1, TRG1 - alpha -xylosidase 1	7.26E-02	2.58	242	6	6	2h	24h	544523	401429	683195	503246	664815	410125	429849	503574	636496	374730	523130	449628	257050	203388
AT5G36880.1,AT5G36880.2	ACS - acetyl-CoA synthetase	7.30E-02	4.36	655	13	12	24h	4h	257230	324929	157486	413934	213433	263601	283253	314787	365399	494602	399882	167359	758887	1321971
AT3G15020.1,AT3G15020.2	mMDH2 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	7.41E-02	1.93	1052	11	3	24h	10h	201247	220228	206129	201757	199945	172133	137173	170383	183223	218521	155657	83064	230023	231177
AT4G35090.1,AT4G35090.2	CAT2 - catalase 2	7.42E-02	1.36	2023	30	17	8h	2h	20036403	18037872	15173505	17758887	20431765	22293860	20024558	18546760	21097183	23618698	20866046	18642385	20253003	23363757
AT1G65980.1,AT1G65980.2	TPX1 - thioredoxin-dependent peroxidase 1	7.43E-02	2.10	276	7	5	24h	10h	888940	1070853	1183324	1076268	1083459	1033189	969026	1789432	1597479	1333032	1004890	783348	2091604	1666814
AT2G31210.1	HSP60-2 - heat shock protein 60 2	7.46E-02	1.63	553	10	5	24h	6h	186077	179785	181238	154971	178923	176953	147269	169181	203590	170368	189452	128874	239126	277428
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	7.52E-02	2.05	830	13	12	0h	10h	3036921	2534423	2267417	2942452	2370296	2264743	1792093	2368541	1930221	3151608	1111865	1599699	1486650	1856485
AT5G23010.1	MAM1, IMS3 - methylthioalkylmalate synthase 1	7.60E-02	5.68	127	3	2	2h	24h	12662	29139	24429	30176	16698	23698	18870	30707	15387	15485	5910	19949	2734	6872
AT4G14300.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.66E-02	4.36	32	1	1	6h	10h	11724	13806	5780	3960	967	6476	14890	10768	13212	8986	1681	4208	13041	11680
AT3G22060.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	7.70E-02	23.70	196	5	5	24h	10h	38546	78323	21708	166251	18407	110419	107533	158674	101473	207568	8949	21800	311244	417391
AT2G31810.2,AT2G31810.1	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	7.75E-02	2.55	122	3	3	24h	8h	29819	34484	46634	38191	35826	25348	39981	36613	20892	19613	16443	36476	44948	58302
AT3G28940.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	7.79E-02	5.45	296	7	6	24h	10h	199793	246990	180671	188711	74728	210135	241669	136034	157312	327955	141555	113591	464834	941716
AT4G01870.1	tolB protein-related	7.79E-02	6.81	109	2	2	24h	6h	25270	34981	19888	45527	13661	65177	15008	41137	51110	87887	33761	29927	161067	221343
AT5G66140.1	PAD2 - proteasome alpha subunit D2	7.86E-02	2.04	234	5	1	24h	2h	37338	63400	27697	39084	38744	30004	42665	59943	47380	47677	38449	38079	66520	69813
AT1G78830.1	Curculin-like (mannose-binding) lectin family protein	7.95E-02	1.92	739	13	9	24h	6h	1332552	1186557	963164	1274428	862236	1164654	758138	977965	1174290	1413306	981600	974551	1371541	1964141
AT4G14800.1,AT3G22630.1	PBD2 - 20S proteasome beta subunit D2	8.00E-02	3.39	149	4	4	24h	2h	41708	61985	54181	24773	52027	42907	44541	67765	60415	61167	71519	50525	100065	167634
AT2G21370.1,AT2G21370.2	XK-1, XK1 - xylulose kinase-1	8.00E-02	1.65	280	5	5	2h	10h	154323	168234	143983	197559	121589	123735	116433	137752	117171	144904	111905	94689	120241	147137
AT1G30220.2,AT1G30220.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	8.07E-02	1.47	683	11	6	24h	4h	1151600	1283985	974916	1017570	968643	958273	1106547	1218274	1350877	971307	1130675	1140663	1336231	1487035
AT5G07350.2,AT5G07350.1	Tudor1, ATTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	8.09E-02	4.35	513	12	8	24h	10h	69055	211681	122424	210179	80904	109413	169761	171183	152902	224254	55387	102678	308583	379218
AT5G03350.1	Legume lectin family protein	8.20E-02	6.01	298	5	4	6h	10h	517837	925026	635480	1035497	192962	921111	787081	1200051	733377	921296	141347	189158	451496	545354
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	8.21E-02	1.63	334	5	2	24h	6h	194491	189837	328978	247007	240230	191007	138179	215871	279232	239252	187879	206224	273343	303528
AT4G36810.1,AT2G18620.1	GGPS1 - geranylgeranyl pyrophosphate synthase 1	8.25E-02	1.76	259	5	5	4h	24h	235582	225502	243903	248618	308824	224618	303916	209887	205799	267381	201913	155335	159291	143362
AT1G76970.1	Target of Myb protein 3	8.32E-02	7.20	65	1	1	24h	10h	6405	17459	11633	17849	2996	7889	17222	29844	15485	20877	1067	7827	26145	37851
AT1G11840.1,AT1G11840.5,AT1G11840.6	ATGLX1, GLX1 - glyoxalase I homolog	8.32E-02	1.31	715	13	11	8h	24h	2518513	2240287	2090901	2447079	1874758	2352648	1749208	1990213	2485212	2352095	1959989	1749997	1760428	1934397
AT3G06530.1,AT3G06530.2	ARM repeat superfamily protein	8.33E-02	3.97	54	2	1	24h	6h	77893	62036	53863	52422	42919	46186	40762	40539	68566	60984	48271	62222	77136	245880
AT1G10370.1	GST30, ATGSTU17, GST30B, ERD9 - Glutathione S-transferase family protein	8.37E-02	1.19	396	6	6	24h	6h	1334288	1434331	1379359	1439239	1453479	1348529	1290730	1216561	1437856	1456286	1562978	1389517	1474012	1520274
AT5G04360.1	ATPU1, ATLDA, PU1, LDA - limit dextrinase	8.39E-02	1.48	220	4	4	0h	24h	149351	130053	100271	117352	119397	128907	131240	114508	134047	116990	138572	115123	102132	86080
AT3G13920.3,AT1G54270.1,AT1G54270.2,AT1G	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	8.44E-02	1.77	480	10	9	6h	4h	546647	793545	944533	667103	560351	369679	830987	813599	727703	709525	381420	564042	788542	798171
AT5G18470.1	Curculin-like (mannose-binding) lectin family protein	8.45E-02	5.53	70	1	1	24h	0h	14257	14987	8776	15924	13975	15964	24194	34076	26137	55950	41185	12228	62992	98828
AT1G76680.2,AT1G76680.1,AT1G76690.1	OPR1 - 12-oxophytodienoate reductase 1	8.46E-02	2.61	513	10	9	24h	2h	229937	376740	222170	209444	279547	288438	310824	323016	358879	339792	438440	221573	505541	621371
AT3G24170.1	ATGR1, GR1 - glutathione-disulfide reductase	8.47E-02	1.90	745	12	12	24h	10h	1387321	1630217	1132071	1649041	1226523	1504295	1291783	1393215	1367647	1920908	1380771	1272072	2080629	2958584
AT4G38970.1,AT4G38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	8.52E-02	1.34	3547	41	25	2h	24h	125201241	101202234	114624084	119692452	118065865	104709475	108588637	92950969	111957542	112512291	107530162	107140672	90839341	83428398
AT4G14710.1,AT4G14716.1	ATARD2 - RmlC-like cupins superfamily protein	8.54E-02	1.50	180	3	3	0h	10h	211621	221326	147612	147795	196454	169157	170943	184190	179832	177457	143877	144218	152836	225017
AT3G10585.1	Homeodomain-like superfamily protein	8.61E-02	2.31	22	1	1	10h	4h	4497	11162	4860	4828	4721	3506	10001	8423	5324	3597	9746	9238	6766	6503
AT2G27730.1	copper ion binding	8.68E-02	3.31	74	1	1	8h	10h	2993	3513	4569	2782	3009	2499	2368	5059	3614	5174	1014	1644	3352	2263
AT3G25530.1,AT3G25530.2	GHBDH, ATGHBDH, GLYR1, GR1 - glyoxylate reductase 1	8.71E-02	1.23	1098	14	13	2h	24h	2346549	2358395	2587047	2640305	2669669	2432111	2412180	2496049	2721637	2423025	2570766	2488385	2288760	1954948
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	8.79E-02	2.62	843	12	3	24h	10h	336900	494045	349452	570698	363696	318038	330859	471166	401151	561407	410066	246541	740509	979729
AT2G31390.1,AT1G06020.1,AT1G	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	8.79E-02	2.59	308	6	6	24h	0h	80433	110891	83140	130925	86459	109715	84148	127894	79516	143365	104947	88458	201335	293354
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	8.81E-02	2.40	2826	39	18	24h	0h	1710370	1993705	2112890	2629873	2515231	2312212	2393186	2818507	3073737	3503025	3611873	1775395	3805880	5091635
AT5G56340.1	ATCRT1 - RING/U-box superfamily protein	8.84E-02	2.18	22	1	1	0h	24h	14388	17092	11328	13546	13702	19171	23096	21789	13076	14954	16556	29040	13106	7801
AT4G03030.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	8.86E-02	4.20	21	1	1	4h	24h	111254	43897	140171	125073	271803	126566	81149	83313	58520	113726	160288	113130	47627	47200
AT1G74590.1	ATGSTU10, GSTU10 - glutathione S-transferase TAU 10	8.86E-02	87.08	110	2	2	24h	10h	663	8253	2682	6024	2840	8151	2695	15632	1422	19642	3652	944	95549	304675
AT5G36220.1	CYP81D1, CYP91A1 - cytochrome p450 81d1	8.87E-02	Infinity	22	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	1497	1770	0	0	0	13031
AT1G17360.1	unknown protein	8.95E-02	2.00	24	1	1	2h	24h	10180	16030	29515	18177	18923	15039	18310	20286	17092	15708	13032	14336	12363	11539
AT1G67650.1,AT1G67680.1	SRP72 RNA-binding domain	8.98E-02	88.48	51	2	1	24h	4h	32644	29153	1474	6751	4154	688	27818	3488	3743	24105	8874	10465	38173	390332
AT4G28300.1	Protein of unknown function (DUF1421)	8.99E-02	5.37	87	2	2	24h	10h	3576	4160	2219	2960	1807	2168	3467	3475	2215	4009	804	2592	4955	13298
AT2G44350.1,AT3G60100.1	ATCS, CSY4 - Citrate synthase family protein	9.01E-02	1.92	1017	17	17	24h	10h	1574861	1695883	1325790	2138037	1582336	1682605	1521106	1743517	1657205	2136317	1626143	1365465	2452475	3281273
AT1G78870.2,AT1G78870.1	UBC35, UBC13A - ubiquitin-conjugating enzyme 35	9.05E-02	3.45	225	4	1	8h	10h	15438	37585	21866	27121	19844	17951	25994	20701	46343	34470	7732	15720	34508	27713
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	9.06E-02	2.42	928	14	12	24h	10h	1928185	2206043	2082494	2543210	1310273	2626754	1931464	2430192	2495727	3232016	1412674	1779283	3329157	4386715
AT1G72410.2	COP1-interacting protein-related	9.07E-02	6.47	23	1	1	0h	2h	234888	138566	10087	47623	23080	69321	128127	36519	52174	80980	133121	128971	161126	159974
AT1G05010.1,AT1G12010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	9.14E-02	3.22	457	8	4	24h	4h	436990	765249	534009	678755	531240	487904	874416	902710	1246503	1262445	1526811	471682	1608789	1676124
AT2G14720.1,AT2G14740.1	VSR4, VSR2-1, BP80-2-1, MTV4 - vacuolar sorting receptor 4	9.17E-02	2.08	91	2	2	2h	24h	17101	15388	25455	19518	20440	22348	20937	13897	19404	21334	14244	14239	16982	9431
AT1G80460.1	NHO1, GLI1 - Actin-like ATPase superfamily protein	9.19E-02	1.67	156	5	5	24h	0h	72747	84257	97705	96422	82215	104001	106914	135550	88398	98573	120062	82589	132858	129823
AT2G28720.1,AT2G37470.1,AT5G59910.1	Histone superfamily protein	9.20E-02	8.89	56	1	1	24h	10h	7608	13017	15119	7249	5798	3198	14928	6488	9786	9684	1082	2091	4411	23807
AT3G22110.1,AT4G15165.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	9.22E-02	1.40	489	6	6	24h	0h	554404	628120	661090	711702	641624	589705	542437	686589	593542	677147	611813	580435	756943	898271
AT4G31230.1	AK-HSDH I, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase i	9.24E-02	1.65	314	8	3	2h	10h	72705	107530	145734	100733	113048	112040	70315	82196	89531	89830	71192	78383	70918	84912
AT1G47940.1,AT2G47940.2	DEGP2 - DEGP protease 2	9.26E-02	1.58	348	6	6	2h	24h	550417	573128	567490	631586	488464	457812	388227	546141	469570	507268	314129	460993	770992	389165
AT4G13790.1	ATCWINV1, ATBFRUCT1 - Glycosyl hydrolases family 32 protein	9.31E-02	61.24	186	4	4	24h	10h	1636	17868	3841	31327	4749	6871	5928	12634	9816	71558	5584	2382	93669	394122
AT1G79380.1	Ca(2)-dependent phospholipid-binding protein (Copine) family	9.34E-02	Infinity	105	2	1	24h	4h	3591	6440	0	7937	0	0	10229	5083	0	4329	0	0	5566	18515
AT3G49680.1,AT3G49680.2	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	9.36E-02	2.21	450	7	5	2h	24h	285967	334955	321739	508012	318929	230173	249081	329162	285041	207031	241589	218866	206798	169306
AT2G35370.1	GDCH - glycine decarboxylase complex H	9.39E-02	1.53	764	9	2	0h	4h	1324278	992947	674068	912430	742218	775862	723087	912457	1034848	1085575	865519	913452	742023	844183
AT1G30120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	9.40E-02	2.26	235	5	2	10h	24h	165192	142931	125835	85160	161742	167973	136099	122868	131847	80263	169018	173635	102785	49095
AT2G03140.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	9.46E-02	6.76	85	2	2	24h	0h	5266	7313	5805	9620	5838	13605	7816	18523	9402	17952	10309	2567	30073	54922
AT5G36700.1,AT5G36700.3,AT5G47760.1	ATPGLP1, PGLP1 - 2-phosphoglycolate phosphatase 1	9.46E-02	1.46	1108	15	15	0h	24h	16919553	12687003	14036137	13319307	13838642	12929922	11716397	12871717	14604136	12904612	13865843	12169979	10570359	9664522
AT2G04440.1	MutT/nudix family protein	9.50E-02	Infinity	21	1	1	24h	2h	9920	1746	0	0	1646	0	2230	1062	0	1842	2158	1363	11856	167642
AT5G13120.1,AT5G13120.2	ATCYP20-2, CYP20-2 - cyclophilin 20-2	9.58E-02	1.44	436	7	7	0h	4h	1783410	1348032	1177792	1420336	991392	1185491	1081241	1165776	1358239	1261319	982718	1204257	1406154	1664802
AT2G42910.1	Phosphoribosyltransferase family protein	9.65E-02	1.48	121	2	2	24h	8h	85698	95331	78260	80464	85405	62761	81790	77018	71782	59120	73117	82410	94504	98752
DXR,PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	9.65E-02	2.25	651	13	13	0h	24h	1114002	1025211	1155060	809828	1025174	887855	1046394	751712	1184738	677939	893149	893415	567849	382926
AT5G21800.1,AT5G52180.2	ATPTPRS1, DSPTP1, SEX4, ATSEX4 - dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	9.78E-02	1.83	122	3	3	2h	24h	40475	36605	54350	49337	30439	33415	44077	47838	42600	30811	36765	36917	34858	21732
AT1G63970.1	ISPF, MECPS - isoprenoid F	9.82E-02	1.46	181	4	4	0h	2h	386390	379913	274596	249287	274653	260886	337973	316913	340602	261973	272262	302658	248010	323982
AT5G23540.1,AT5G23540.2	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	9.88E-02	2.17	348	5	5	24h	4h	217662	321087	229232	313899	220793	202401	266895	245756	199653	321942	213262	271577	415353	504319
AT3G51800.1,AT3G51800.2	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	9.91E-02	2.51	541	11	11	6h	10h	620973	920895	816476	983811	551487	886229	959204	1101545	947914	1064408	251317	568616	790521	1012203
AT1G22920.2	CSNSA, IAB1, AJH1 - COP9 signalosome 5A	1.00E-01	3.06	22	1	1	24h	0h	13953	19299	29052	13603	22315	24257	16701	33204	27855	20862	21565	16860	53715	48146
AT4G33520.2	PAA1, HMA6 - P-type ATP-ase 1	1.00E-01	1.90	137	3	2	8h	6h	132075	121625	211376	145602	154541	142711	116553	99107	223759	185881	116611	108425	145871	74655
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	1.01E-01	2.21	278	7	6	4h	0h	69729	86304	87131	98212	194602	149792	162168	84629	112859	106232	124725	86397	135655	184157
AT1G74450.1	Protein of unknown function (DUF793)	1.01E-01	2.21	20	1	1	10h	8h	271734	145727	238871	276160	395236	313988	278933	206359	148244	225589	413483	412847	225214	315720
AT2G38140.1	PSRP4 - plastid-specific ribosomal protein 4	1.01E-01	3.45	23	1	1	24h	2h	14789	21721	9034	6932	12045	12122	14986	11273	10032	14755	16391	15284	15730	39390
AT2G22740.1	SUVH6, SDG23 - SU(VAR)3-9 homolog 6	1.02E-01	10.20	21	1	1	24h	0h	2151	1153	1683	2634	2832	4705	3186	1811	873	3477	4669	1567	8003	25682
AT1G27030.1	unknown protein	1.02E-01	3.06	58	1	1	2h	24h	10752	16663	20741	13934	19766	11533	13387	15320	17123	13930	18263	10611	7747	3584
AT1G60440.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.03E-01	2.95	35	1	1	24h	8h	8053	6126	3118	5532	5068	3146	7799	4292	3908	3186	7828	8088	6920	13998
AT3G13460.1,AT3G13460.3,AT3G13460.4,AT5G	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	1.04E-01	6.72	200	4	4	24h	0h	15802	14814	38380	28521	38223	41559	63664	70129	91290	43066	9055	60890	92670	113161
AT5G64570.1	XYL4, ATBXL4 - beta-D-xylosidase 4	1.04E-01	2.74	176	3	2	10h	6h	73688	56343	63192	48239	60831	54813	32137	35669	41895	59274

AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	1.06E-01	1.88	423	6	6	24h	4h	564098	795553	514511	426141	457350	435501	546381	459109	619095	604532	763022	439109	806858	867382
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	1.06E-01	1.19	1462	25	25	10h	24h	4587298	4231067	4440625	4222494	4629759	4464288	4449829	4309996	4673711	4616494	4955926	4363760	3765021	4091067
AT3G25660.1	Amidase family protein	1.06E-01	3.86	185	3	3	4h	24h	129657	90255	129694	37755	142109	98311	108667	83559	55062	60956	80862	112318	40326	21973
AT1G54100.1	ALDH7B4 - aldehyde dehydrogenase 7B4	1.06E-01	2.58	498	9	9	24h	2h	347754	407544	274007	319119	283728	448532	306003	344384	418811	911930	476985	279565	646805	882104
AT3G54360.1	zinc ion binding	1.07E-01	5.22	64	1	1	0h	24h	17202	8342	5973	10097	5257	10736	11268	9436	9446	6247	5104	13201	3300	1597
AT1G30580.1	GTP binding	1.07E-01	1.41	661	11	11	24h	0h	723433	865074	867885	918917	911500	695571	914776	866692	822610	949786	838304	756093	1066453	1169945
AT1G08490.1	ATSUFS, SUFS, ATCPNIFS, ATNFS2, CPNIFS - chloroplastic NIFS-like cysteine desulfurase	1.08E-01	1.66	178	5	4	4h	24h	73196	100316	94694	83093	87548	99297	76866	97567	72360	54687	71624	102067	55617	56781
AT1G78380.1;AT1G78320.1	ATGSTU19, GST8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	1.08E-01	2.28	1011	20	15	24h	10h	3963350	5406527	3903867	7357191	3724414	4521938	3441206	4147438	4542060	7545567	4092001	3451152	7760899	9443322
AT3G44800.1	Meprin and TRAF (MATH) homology domain-containing protein	1.08E-01	2.98	23	1	1	2h	0h	38336	102148	178279	240055	142865	107942	123873	88001	135846	280075	91645	99771	133486	132590
AT5G27470.1	seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase	1.08E-01	1.40	793	11	10	2h	6h	733823	659335	737770	953108	744798	724357	555747	653386	807849	814821	721320	714448	730383	855957
AT4G34260.1	FUC95A - 1,2-alpha-L-fucosidase	1.08E-01	2.27	30	1	1	2h	24h	26606	23311	22763	32345	27852	18352	14920	26870	17928	20524	15989	19665	11693	12546
AT4G30910.1	Cytosol aminopeptidase family protein	1.08E-01	10.37	590	9	1	24h	6h	10880	7039	4512	16460	11158	9141	7505	2694	4102	15827	15205	6283	39941	65832
AT4G02020.1	EZA1, SWN, SDG10 - SET domain-containing protein	1.09E-01	14.77	20	1	1	2h	24h	78876	46914	231459	122618	220074	106938	72197	170231	163131	51276	142786	75410	23525	442
AT3G56910.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 5	1.10E-01	2.03	62	1	1	24h	6h	169994	329761	207367	220806	145990	220620	198733	151490	377423	312518	335741	239690	391371	320478
AT5G58360.1;AT5G58330.3	lactate/malate dehydrogenase family protein	1.10E-01	1.25	1102	14	13	2h	24h	5165317	4064241	5011463	4454164	4007811	3962035	3819327	4023421	4611110	4424743	4269632	4089882	3748966	3809879
AT5G22800.1	EMB86, EMB1030, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	1.10E-01	1.89	442	7	7	4h	24h	356837	314985	462351	306583	469250	354571	397660	323030	349292	268078	361588	394203	250441	185542
AT4G25340.1	FKBP53, ATFKBP53 - FK506 BINDING PROTEIN 53	1.10E-01	Infinity	34	1	1	24h	2h	0	1403	0	0	0	0	1235	0	0	0	0	0	1271	33657
AT3G14990.1;AT3G14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.11E-01	2.32	444	8	8	24h	10h	764069	966813	630438	1001297	699581	749226	596725	877938	704869	1105165	654865	491822	1346408	1312299
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	1.11E-01	2.18	607	7	5	10h	0h	413709	802789	972242	981202	1384295	982012	1215763	860854	1240214	977235	1298080	1354531	1217025	1069848
AT1G63770.3;AT1G63770.1;AT1G63770.2	Peptidase M1 family protein	1.12E-01	1.12	1898	37	37	2h	6h	4063282	3826596	3926700	4199466	3817072	3639634	3578631	3671677	3775922	4062549	3742799	3694786	3903239	3861043
AT5G23990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	1.12E-01	1.43	761	16	10	24h	4h	469298	471873	399871	484504	421616	449504	469832	415976	546826	511190	523654	397555	560308	686276
AT1G02500.1	SAM1, SAM-1, MAT1, ATSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	1.12E-01	4.47	961	16	3	24h	0h	84454	233605	142291	288746	179204	148224	279396	228301	213751	498136	381949	225375	521593	899116
AT4G14890.1	FdC2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	1.14E-01	3.10	271	3	3	2h	24h	384267	302201	574442	353429	536841	294402	264036	300513	515720	243617	431314	353318	185392	114403
AT2G24940.1	AtMAPR2, MAPR2 - membrane-associated progesterone binding protein 2	1.15E-01	2.04	322	5	5	8h	24h	958751	920648	1266577	1201086	1380513	992027	1009033	797973	1510825	968132	1089568	919785	775982	439609
AT5G13980.1	Glycosyl hydrolase family 38 protein	1.15E-01	1.38	244	7	7	2h	24h	250623	264306	270567	300603	256426	259663	231537	323466	236153	247409	227525	216415	215815	198964
AT3G57050.1;AT3G57050.2	CBL - cystathionine beta-lyase	1.16E-01	2.01	249	5	5	2h	24h	130146	112826	166434	198304	163557	118129	103911	169682	104145	133407	122750	119469	94167	87226
AT4G35830.1;AT4G35830.2	ACO1 - aconitase 1	1.16E-01	1.60	1620	26	17	24h	4h	2341738	2980978	2514497	3225089	2813767	2500513	2483297	3327823	3214074	3197875	3506614	2943852	3857344	4623151
AT3G45970.1	ATEXLA1, EXPL1, ATEXPL1, ATHEXP BETA 2.1, EXLA1 - expansin-like A1	1.17E-01	2.64	32	1	1	0h	10h	14195	12567	11920	12261	10573	13784	7911	9105	9690	3124	4505	5646	5513	9082
AT1G70600.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	1.17E-01	3.59	159	3	3	2h	24h	76176	227570	401051	630115	278049	169521	315556	205579	315780	160418	154393	142080	137161	149680
AT1G67090.1;AT1G67090.2	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	1.17E-01	1.88	1750	21	13	8h	24h	226012307	264726912	241797710	265513694	269754453	205052246	230989678	223855499	291597515	240094042	243333129	168985501	176637483	106440323
AT5G21160.1	LA RNA-binding protein	1.17E-01	2.25	32	1	1	8h	24h	176768	145373	215094	141310	192059	162712	144883	177915	229640	130271	196881	152234	101180	58667
AT5G06060.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.17E-01	1.38	274	5	5	2h	6h	374187	413518	512928	442037	410424	380094	334945	357759	478902	406296	383972	449920	387864	432787
AT5G09650.1	AtPPa6, PPa6 - pyrophosphorylase 6	1.18E-01	1.23	1251	17	17	0h	8h	6561495	5987072	5425454	5657321	6039769	5638079	5537097	5051818	4759764	5408915	5766112	5720433	5399536	5996652
AT5G27380.1	GSH2, GSHB - glutathione synthetase 2	1.19E-01	1.59	222	5	5	24h	2h	245354	336289	216040	268444	233757	257603	243988	314293	257927	323849	257767	249816	386205	382641
AT4G26270.1;AT4G29220.1;AT5G56630.1	PFK3 - phosphofructokinase 3	1.20E-01	15.73	131	3	3	24h	10h	1923	23825	8013	17062	11613	9803	13698	4900	6407	21073	7430	5593	81122	123711
AT5G61780.1	Tudor/, AtTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	1.20E-01	2.40	382	8	3	24h	10h	30395	44284	35539	49083	22657	28884	37789	49264	35951	58184	17863	31012	45870	71660
AT5G37640.1	UBQ9 - ubiquitin 9	1.20E-01	2.63	172	4	1	24h	2h	66925	66294	18576	43501	31913	38449	57919	40971	68560	52919	67126	40003	63762	99578
AT1G01910.1	Predicted pyridoxal phosphate-dependent enzyme, YBL036C type	1.20E-01	1.84	43	1	1	24h	4h	77928	60120	31548	50192	33392	48308	52913	54863	415976	546826	511190	54188	54937	77803
AT5G28020.1;AT5G28020.5	CYSD2, ATCYSD2 - cysteine synthase D2	1.21E-01	1.61	223	6	3	8h	6h	181915	236526	164861	261151	179014	180720	136319	154274	219971	246907	165825	131295	237495	200813
AT1G54400.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	1.23E-01	2.22	23	1	1	24h	10h	18563	26162	32556	20711	18049	15054	20736	20304	16400	26536	19318	13126	30546	41480
AT5G54510.1;AT4G27260.1	GH3.6, DFL1 - Auxin-responsive GH3 family protein	1.24E-01	212.89	173	4	4	24h	0h	0	1223	3905	1961	3761	1283	3187	3578	1058	997	8362	2266	49629	210730
AT3G56240.1	CCH - copper chaperone	1.24E-01	1.61	573	8	8	4h	24h	666396	646682	589049	584682	674018	861021	798771	598358	373159	584600	589954	682634	501286	450167
AT1G18650.1	PDCB3 - plasmodesmata callose-binding protein 3	1.25E-01	7.25	91	1	1	2h	24h	26645	18057	35896	13537	18008	10356	9979	5976	25850	4279	24880	15939	2794	4026
AT3G44190.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	1.25E-01	3.81	29	1	1	24h	2h	129187	141994	62628	30348	63356	114552	147999	74812	93202	40138	107366	137606	125479	229136
AT2G29460.1	ATGSTU4, GST22, GSTU4 - glutathione S-transferase tau 4	1.25E-01	Infinity	49	1	1	24h	0h	0	0	0	1206	0	0	0	211	0	4302	0	0	24600	57446
AT4G01850.1	SAM-2, MAT2, SAM2, AtSAM2 - S-adenosylmethionine synthetase 2	1.26E-01	2.09	1128	16	5	24h	0h	228539	449820	416211	351493	489919	351722	449810	492845	608359	509843	510094	456156	611048	805703
AT1G68590.1	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	1.26E-01	2.39	71	2	2	0h	10h	441071	655746	267725	270645	274565	261392	351846	328287	286951	386288	172723	286568	361683	191312
AT4G02180.1	DC1 domain-containing protein	1.27E-01	1.74	29	1	1	24h	6h	456155	420219	310698	410935	361969	353971	323541	219244	351725	454876	336843	360335	409803	535351
AT4G31530.1;AT4G31530.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.28E-01	2.00	203	4	4	10h	24h	179631	161429	106787	130628	99520	110706	162673	127862	116573	105129	51345	119187	153157	182349
AT1G51760.1	IAR3, IR3 - peptidase M20/M25/M40 family protein	1.28E-01	7.86	166	4	4	24h	4h	26343	88221	38127	56078	24961	48501	32257	93187	37900	89839	70198	20912	222226	354909
AT1G17650.1	GLYR2, GR2 - glyoxylate reductase 2	1.28E-01	1.26	566	8	8	0h	24h	1124591	1024377	969330	895018	952330	807059	819403	907598	968542	929789	866235	904616	905466	795981
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.28E-01	1.73	200	3	3	24h	2h	117280	115718	69399	66245	93332	117575	68112	88562	100914	107628	99409	76225	87488	147629
AT4G21860.1;AT4G21850.2;AT4G21860.2	MSRB2 - methionine sulfoxide reductase B 2	1.28E-01	1.54	318	8	7	2h	24h	1907460	1790825	2110737	1956038	1842689	1864672	1684565	1963201	1919505	1673807	1798815	1847401	1595544	1043898
AT3G51260.1;AT3G51260.2	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	1.30E-01	2.04	294	6	2	24h	2h	113648	209654	112736	141745	137065	126704	158494	185120	154485	177854	151223	118588	214670	303815
AT1G58080.1	ATATP-PRT1, HISN1A, ATP-PRT1 - ATP phosphoribosyl transferase 1	1.31E-01	1.87	146	3	3	2h	24h	165235	220551	198225	281401	242624	174391	188887	181208	177787	234902	190375	175675	132457	124092
AT2G29360.1;AT2G29350.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.32E-01	1.74	215	3	2	24h	2h	59253	76588	34148	47403	59460	46282	47169	46025	55574	63037	43846	46104	54095	87626
AT2G37660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.32E-01	1.26	1474	22	20	0h	24h	14762919	12487080	12472893	14099216	11500139	12357397	10369993	11892158	12610633	12728546	12520394	12030146	11479892	10196983
AT3G17240.1	mtLPD2 - lipoamide dehydrogenase 2	1.32E-01	1.56	860	14	3	2h	6h	130586	125857	177852	216020	163931	175263	143967	109190	163829	173839	172878	138522	226016	150838
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	1.32E-01	1.64	410	9	9	6h	10h	442036	616470	512319	621085	647413	446376	623399	554159	399944	462542	299649	420105	412982	350165
AT2G21170.1;AT2G21170.2	TIM, PDTPI - triosephosphate isomerase	1.33E-01	1.35	1373	19	17	0h	24h	11155276	9216039	10097711	9378836	10168754	9291436	9046698	10033621	10562806	8416831	9664062	9933535	7600539	7440248
AT4G24280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	1.33E-01	1.24	1789	26	12	8h	6h	4072971	3924117	4248244	3908248	3527678	3708254	3452355	3615393	4689950	4051898	4084137	3570699	3800508	4124162
AT1G56070.1;AT3G12915.1;AT3G12915.2	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	1.33E-01	1.46	3568	48	46	24h	4h	19600038	21537468	18241399	23928778	19011022	18781402	20707466	18963920	19423275	22848870	19296995	19405395	24256927	31105981
AT5G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.33E-01	33.51	44	1	1	0h	24h	21208	15445	18671	10398	13047	13700	14766	11626	13467	1825	6115	12279	1094	0
AT3G07770.1	Hsp89.1, AtHsp90.6, AtHsp90-6 - HEAT SHOCK PROTEIN 89.1	1.34E-01	3.22	194	4	1	24h	10h	2241	5204	4155	7363	3220	3082	5583	3010	3123	4255	2100	1626	7110	4876
AT4G20260.4;AT4G20260.5;AT4G20260.6	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	1.34E-01	1.77	1011	13	12	2h	24h	9475067	8240067	11057564	8280786	9225405	9549766	6525940	8664496	8314844	7176094	5302818	8228581	6270356	4636810
AT5G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGER3, GER3 - germin 3	1.35E-01	2.21	445	4	4	0h	24h	5001265	4347519	4628258	3701437	4501333	3867519	3174872	2986927	4502749	2610371	3724648	4449992	2590256	1646620
AT1G74100.1	SOT16, ATSOT16, CDRI-7, ATST5A - sulfotransferase 16	1.35E-01	3.00	130	2	1	24h	2h	32715	53263	20017	38366	39406	19292	39294	49272	47568	58075	44381	19005	77512	97415
AT5G42790.1;AT1G47250.1	PAF1, ATPSM30, ARS5 - proteasome alpha subunit F1	1.35E-01	1.54	215	4	4	24h	0h	661889	708346	877688	744687	759568	769872	713015	808158	968694	691744	849182	687237	1036240	1072379
AT4G04350.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	1.35E-01	1.78	164	4	4	0h	2h	49364	55494	36867	21986	44320	32536	46047	38668	33581	33225	47357	45767	38451	52390
AT1G12230.1	Aldolase superfamily protein	1.36E-01	1.76	156	3	3	0h	8h	87214	110994	60549	68307	73558	63187	74060	69033	45744	66882	51989	73382	62130	69345
AT1G77510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDIL6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	1.36E-01	1.80	657	13	9	24h	0h	613999	778821	926883	914033	718879	854375	1178741	1284460	1011761	1024673	994959	512279	1019631	1488172
AT5G48230.1;AT5G48230.2	EMB1276, ACAT2 - acetoacetyl-CoA thiolase 2	1.37E-01	3.29	172	3	3	2h	8h	21132	32443	36865	39201	21312	13805	38391	31295	12516	10582	23638	31387	39202	11657
AT5G37850.1;ATG37850.2	SOS4, ATSOS4 - pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.37E-01	1.70	298	5	5	24h	10h	369492	395296	367726	376550	390511	336883	329956	413163	342360	394534	309996	231055	388131	533682
AT1G12310.1;AT1G62820.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.39E-01	1.49	109	3	3	24h	10h	37122	51033	52297	62009	52157	46506	50248	45981	42843	41918	35558	44321	52224	66842
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	1.40E-01	1.23	905	16	16	24h	6h	2350944	2051262	2100932	2277849	2254260	2275953	2198637	1974755	2410861	2210546	2333722	2688526	2533421	2580957
AT5G03160.1	ATPSBPK, PSBPK - homolog of mamallian PSBPK	1.40E-01	1437.62	35	1	1	8h	4h	47	1754	53	1922	0	4	140	713	156	5697	10	3	35	5280
AT1G23820.1;AT1G23820.2	SPDS1 - spermidine synthase 1	1.40E-01	1.63	591	10	6	24h	10h	447741	498837	373189	596733	405401	384082	404496	416025	467165	624353	424046	352634	584127	684315
AT1G10090.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	1.40E-01	2.30	68	1	1	2h	10h	202705	158235	240493	146355	102735	128139	171981	158208	181372	120251	59694	108588	125597	63155
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	1.41E-01	2.33	241	4	3	24h	10h	104221	67974	72397	58451	39394	76020	76510	78903	89560	87376	35367	66308	107727	129540
AT1G61120.1	TPS04, GES, TPS4 - terpene synthase 04	1.41E-01	2.24	20	1	1	4h	24h	289290	255580	292908	212439	318180	280757	258987	303752	313701	190705	259974	294491	185264	82431
AT2G13560.1	NAD-ME1 - NAD-dependent malic enzyme 1	1.41E-01	1.73	429	8	8	24h	10h	434677	495392	336899	460351	410796	386565	340268	472204	391356	476509	359210	308702	514117	641848
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	1.41E-01	1.20	1865	30	29	0h	24h	70080016	58443872	62519435	62541144	58842525	58801334	53006458	57698057	63305028	58476457	59918465	60378627	52780141	54617981
AT2G45820.1	Remorin family protein	1.41E-01	4.16	41	1	1	2h	24h	24602	22323	36002	32854	21819	30452	12368	27291	33639	29187	12369	21939	24130	2441
AT4G14430.1	IBR10, ATEC2, EC2, ECHIB, PEC12 - indole-3-butyric acid response 10	1.42E-01	1.84	80	1	1	24h	4h	56013	63627	44788	77186	40090	44115	47892	60307	48692	54706	48885	46965	85478	69384
AT4G29810.1	ATMKK2, MKK2, MK1 - MAP kinase kinase 2	1.42E-01	Infinity	24	1	1	24h	4h	0	5243	448	7372	0	0	3623	1322	0	7731	0	0	4731	24225
AT2G04700.1	ferredoxin thioredoxin reductase catalytic beta chain family protein	1.43E-01	2.28	392	9	9	0h	24h	1437631	904597	1267826	977854	1089327	1229381	885723	1079346	1069571	753252	903288	1089065	711565	315421
AT1G53310.1;AT3G14940.1	ATPPC1, PEPC1, ATPEPC1, PPC1 - phosphoenolpyruvate carboxylase 1	1.43E-01	1.62	1141	23	9	24h	10h	300635	390140	291775	410788	311012	350669	372204	388307	280986	395656	355911	298690	525791	531424
AT5G58710.1	ROC7 - rotamase CYP 7	1.44E-01	2.29	161	4	3	24h	10h	122989	98722	133242	91898	48615	109460	99740	94385	133789	98503	65535	87547	170385	179604
AT1G09560.1;AT1G02335.1	GLP5 - germin-like protein 5	1.44E-01	4.77	85	2	1	24h	10h	21722	24890	21910	47883	23978	34290	22379	29002	11820	29924	24671	10682	50987	117744
AT1G09830.1	Glycinamide ribonucleotide (GAR) synthetase	1.44E-01	1.31	337	6	6	2h	6h	271716	261223	321704	356544	295813	301638	231336	286477	318316	307095	298682	229887	269262	274775
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	1.45E-01	1.34	427	9	9	0h	4h	313018	347854	301922	268986	272848	218716	281280	261668	299623	287830	292366	247479	299632	299892
AT3G04780.1	Protein of unknown function (DUF1000)	1.45E-01	3.02	95	1	1	24h	6h	65518	54344	37487	69618	49124	49327	37834	38930	25565	72400	41462	41686	95929	135525
AT2G43510.1	ATTI1, TI1 - trypsin inhibitor protein 1	1.47E-01	Infinity	49	1	1	2h	10h	0	3	2636	10183	10	878	25	5175	0	12630	0	0	0	0
AT5G37510.1	EMB1467, CI76 - NAD+-ubiquinone dehydrogenase, mitochondrial, putative	1.47E-01	5.05	88	1	1	24h	10h	20344	14092	10393	25793	5946	11404	11263	15654	8735	23410	8242	5676	22477	47815
AT5G17050.1;ATSG17040.1	UGT78D2 - UDP-glucosyl transferase 78D2	1.47E-01	2.26	149	3	2	4h	0h	35265	49044	82434	97613	106737	83941	63611	58641	62317	118449	95991	53900	63348	37650
AT1G16890.2;AT1G16890.1	UBC36, UBC13B - ubiquitin-conjugating enzyme 36	1.49E-01	3.71	292	5	2	24h	10h	43296	56211	52967	24216	37695	22863	48019	39195	46663	51285	16454	36083	61411	133360
AT3G13420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.49E-01	2.02	395	6	6	24h	10h	470408	530153	416646	597412	407862	421385	350042	434422	412192	571754	443559	289562	591207	886865
AT3G05020.1	ACP1, ACP - acyl carrier protein 1	1.50E-01	4.76	73	1	1	2h	24h	13150	12132	26328	19869	23860	12508	8295	17614	16209	12239	14224	14619	8382	1316
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	1.50E-01	2.63	150	2	2	24h	10h	248514	334840	262175	217085	232893	184948	238322	170767	215816	318372	149087	173700	272782	575975
AT4G10710.1	SPT16 - global transcription factor C	1.50E-01	9.94	50	2	1	24h	8h	24533	12985	23794	5001	7542	15591	13851	20953	7715	8616	14712	9482	32115	13068
AT5G65010.2;AT3G47340.1;AT5G10240.1;ATSG	ASN2 - asparagine synthetase 2	1.52E-01	1.45	611	11	11	8h	6h	1185006	1585405	1374770	1642348	1422485	1426279	1260789	1197228	1699826	1874809	1496818	1283655	1435130	1296504
AT1G13060.1;AT1G13060.2	PBE1 - 20S proteasome beta subunit E1	1.52E-01	1.93	316	6	1	24h	0h	193719	375617	414086	293645	271529	310735	365736	443173	368119	384405	398145	321163	551970	547065
AT2G39800.1;AT2G39800.2;AT2G39800.3;ATSG	P5CS1, ATP5CS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	1.52E-01	2.12	374	8	8	8h	10h	249778	340718	446677	301088	369091	378329	439702	321248	438023	554961	225880	242537	388289	226650
AT1G21130.1;AT1G21130.2	O-methyltransferase family protein	1.52E-01	12.26	701	11	3	8h	0h	94745	57324	179745	93236	176283	147562	406415	425170	1393134	470841	1156572	64683	820293	741054
AT5G48020.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.52E-01	1.50	146	3	3	8h	10h	30674	28214	24328	35546	21888	25832	26768	19984	37955	31792	23067	23350	28610	28829
AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	1.52E-01	1.98	606	11	6	24h	10h	924896	912555	840991	1133682	725380	763395	703619	936634	843398	1020333	735592	703008	1011452	1830788
AT5G64370.1	BETA-UP, PYD3 - beta-ureidopropionase	1.53E-01	2.17	54	1	1	24h	10h	39750	43444	30532	58932	44071	37878	37739	57667	27844	38344	33401	30174	61448	76300
AT5G58460.1	ATCHX25, CHX25 - cation/H+ exchanger 25	1.53E-01	4.18	24	1	1	24h	2h	50315	45031	24488	4365	27900	37489	49049	46765	37459	46781	20022

AT2G40600.1	appr-1-p processing enzyme family protein	1.56E-01	1.64	78	2	2	24h	10h	128223	178900	157740	206170	143980	169302	150097	155218	162595	171054	134024	93092	192263	179647
AT4G11150.1;AT1G64200.1;AT3G08560.1	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	1.56E-01	1.53	772	12	12	8h	10h	1341579	1152845	1129440	1231552	1031530	1153202	936809	1175470	1299444	1211985	802762	840606	951101	1425285
AT1G33960.1	AIG1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.56E-01	13.88	254	5	5	24h	10h	11319	33028	20226	121079	23955	51819	58913	120989	16366	121530	8754	4759	126723	60893
AT4G21323.1	Subtilase family protein	1.57E-01	2.06	29	1	1	24h	2h	53787	44929	36438	50472	40847	53134	56001	41547	42780	69845	63139	44399	79003	100432
AT1G11960.1	ERD (early-responsive to dehydration stress) family protein	1.57E-01	2.10	26	1	1	10h	24h	4020286	3477893	4181124	3000592	4639626	3002062	3215740	3505382	3420623	2458529	4688596	4862523	2874419	1667369
AT1G09310.1	Protein of unknown function, DUF538	1.57E-01	1.47	614	9	9	10h	24h	2153456	1700806	1843364	1647947	1792125	1593900	1938807	1655538	1779947	1735127	1980264	2219587	1263548	1601275
AT3G58750.1	CSY2 - citrate synthase 2	1.57E-01	2.08	121	2	1	24h	0h	47689	61768	73054	48739	67198	73100	57350	95598	70752	83281	78162	53389	103470	124230
AT5G44070.1;AT1G03980.1	CAD1, ARA8, ATPCS1, PCS1 - phytochelatin synthase 1 (PCS1)	1.58E-01	2.42	380	7	7	24h	0h	54204	69127	81535	105571	123308	98015	108750	110760	84981	93336	127202	62823	116539	181497
AT5G42100.1	ATBG_PPAP, ATBG_PAP, BG_PPAP - beta-1,3-glucanase_putative	1.59E-01	2.39	106	2	2	2h	24h	65574	36370	67058	64801	54144	38400	41959	53741	42660	27477	35933	51735	22401	32753
AT1G12840.1	DET3, ATVHA-C - vacuolar ATP synthase subunit C (VATC) / V-ATPase C subunit / vacuolar proton pump C subur	1.59E-01	2.68	164	4	4	3	0h	98473	166440	73841	119105	77212	45887	91153	88433	57537	113587	53778	45143	90326	106959
AT1G50380.1	Prolyl oligopeptidase family protein	1.60E-01	1.75	468	8	8	2h	24h	155012	221067	229182	201812	172950	158590	150988	188854	213111	167262	164704	129206	144689	102005
AT5G59320.1	LTP3 - lipid transfer protein 3	1.60E-01	17.09	26	1	1	8h	10h	256586	67122	30124	31515	4040	89263	53894	29020	132124	324420	15247	11472	32980	23795
AT5G40760.1	G6PD6 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 6	1.60E-01	3.50	122	2	1	24h	0h	2718	5340	13335	11593	13161	6933	5897	6830	5217	11835	10963	4412	12659	15539
AT3G10410.1	SCPL49, CPY - SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49	1.60E-01	2.19	205	3	3	2h	10h	70872	82290	71065	108812	50283	50767	57817	104803	53544	72676	44828	37277	52789	84271
AT1G37130.1;AT3G47740.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	1.62E-01	2.56	662	12	12	2h	0h	123111	390561	819232	497217	620091	578071	610327	529598	519135	360758	291119	396970	388093	370132
AT3G55400.1;AT3G55400.2	OVA1 - methionyl-tRNA synthetase / methionine--tRNA ligase / MetRS (cpMetRS)	1.63E-01	2.34	136	3	3	0h	24h	50872	70294	31936	51590	45133	37909	40820	33701	25993	38098	27081	38899	19418	32465
AT5G13200.1	GRAM domain family protein	1.63E-01	10.52	334	7	6	24h	10h	45773	164683	50224	220038	63941	107492	88133	155927	74456	262416	64329	34498	371889	667562
AT3G28690.2	Protein kinase superfamily protein	1.63E-01	2.02	21	1	1	24h	8h	43405	28301	41510	46006	61616	43873	35012	34224	25632	41355	36082	42317	50950	84251
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	1.63E-01	1.41	1276	18	6	0h	10h	8235339	6647197	6674856	6481166	5141128	7541372	5152140	5568260	6871014	6797393	5331237	5204908	6512692	7431054
AT1G69230.1	SP112 - SPIRAL1-like2	1.64E-01	1.89	96	1	1	24h	10h	214555	212736	226212	239968	158964	223114	231901	322521	216680	162533	103521	198872	279104	293571
AT4G37870.1	PCK1, PEPCK - phosphoenolpyruvate carboxykinase 1	1.64E-01	2.04	26	1	1	8h	6h	18580	13956	15676	25867	12941	15902	15243	7504	21582	24929	14601	8894	19232	22442
AT2G39730.1;AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	1.64E-01	1.94	3432	41	41	2h	24h	77139599	103249200	122684136	85181842	71702485	52785001	87907396	103902236	93842284	69292626	37481622	77454032	51355485	55608479
AT1G60360.1	RING/U-box superfamily protein	1.64E-01	16.13	22	1	1	24h	6h	25963	29314	8686	37803	34708	9937	1258	5938	4343	14161	12011	15633	18700	97396
AT1G29880.1;AT3G44740.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	1.65E-01	1.23	1016	21	21	8h	10h	1309361	1396367	1332394	1484736	1418506	1333370	1333764	1433591	1640134	1631295	1441011	1211672	1391177	1532562
AT3G20330.1	PYRB - PYRIMIDINE B	1.65E-01	2.34	148	4	3	2h	0h	64675	35296	131323	102325	110238	74164	56474	116235	59387	46936	85453	53930	57193	45149
AT4G03080.1;AT2G27210.1	BSU1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	1.66E-01	3.37	313	8	7	24h	10h	66105	102427	66805	137051	89170	78031	90659	83015	53258	149039	67650	72299	185921	285724
AT1G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	1.67E-01	1.74	1899	31	11	10h	0h	1068609	1618124	2054444	2054220	2115548	1640029	1805522	1551493	1939298	1932159	2052707	2627782	2126863	1577588
AT1G18070.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	1.71E-01	1.67	310	6	6	24h	10h	194837	213621	175157	184571	186500	176202	199200	197225	272347	204210	150695	180740	209958	344266
AT2G02390.1;AT2G02380.1;AT2G02390.3	ATGSTZ1, GST18, GSTZ1 - glutathione S-transferase zeta 1	1.71E-01	2.27	258	4	4	24h	2h	175200	184781	187702	118396	167884	211741	152593	300989	221316	145311	184508	155495	317168	377533
AT5G52970.1	thylakoid lumen 15.0 kDa protein	1.72E-01	1.85	217	4	4	2h	10h	213744	186020	195438	220787	117260	174732	171609	188656	188210	167439	74462	151125	151162	140284
AT5G20920.1;AT5G20920.2	EIF2 BETA, EMB1401 - eukaryotic translation initiation factor 2 beta subunit	1.72E-01	6.68	80	1	1	8h	10h	3845	12682	48452	35672	5341	28448	37524	33157	54237	42999	929	13627	17349	4656
AT3G11630.1	Thioredoxin superfamily protein	1.73E-01	1.64	1157	13	3	0h	10h	8647176	9835942	7720398	9041946	6069799	5833605	6652581	7956312	6631008	11014025	4958478	6290168	8207314	6254913
AT3G17770.1	Dihydroxyacetone kinase	1.73E-01	4.11	51	1	1	8h	10h	6893	13339	10599	15264	7246	8389	11174	10546	12260	22573	7382	1102	16986	13389
AT2G20580.1;AT4G28470.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	1.73E-01	2.31	413	8	7	24h	0h	87277	183267	131012	185961	185197	137188	226408	163825	168459	196781	170558	183208	362732	262914
AT2G44120.1;ATZG44120.2;AT3G13580.1	Ribosomal protein L30/L7 family protein	1.74E-01	2.73	151	3	2	2h	10h	57502	146555	297260	170535	140429	84458	194265	172603	127814	104897	83016	88138	134655	84522
AT1G62780.1	unknown protein	1.76E-01	1.73	340	5	5	2h	10h	407609	534593	726754	621648	526435	510436	451991	547094	618001	425120	306656	471761	367102	424253
AT2G23950.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.76E-01	1.99	25	1	1	8h	24h	234392	302046	397054	236626	344717	271930	262101	227524	369134	274686	280872	223639	200302	123759
AT1G51650.1	ketol-acid reductoisomerase	1.76E-01	1.55	1288	18	18	2h	24h	4260861	4579811	4768306	4803888	4985357	4012222	4616034	4177862	5036742	3602904	4556139	4652416	3641701	2548984
AT4G15950.1	CCR1, IRX4, ATCCR1 - cinnamoyl coa reductase 1	1.76E-01	2.38	129	2	2	10h	0h	37395	48172	92570	101103	101446	69281	60092	103371	116248	65455	102850	100378	79811	39580
AT4G18590.1	SOT17, ATSOT17, ATST5C - sulfotransferase 17	1.76E-01	3.88	117	3	2	2h	4h	15354	8058	22034	38776	4370	11302	24627	29185	4466	13859	8343	20664	23810	12762
AT3G12440.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	1.77E-01	3.63	27	1	1	6h	24h	2426	5210	5926	2288	5124	2391	5009	3221	3756	2192	3316	3849	1113	1153
AT5G60270.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	1.77E-01	13.90	21	1	1	24h	2h	2495909	2911116	110926	622369	204332	755102	2472365	425032	278049	1710789	901693	1012312	2137573	8052827
AT3G23640.1	HGL1 - heteroglycan glucosidase 1	1.77E-01	3.46	94	2	1	0h	10h	22769	17600	8728	17231	5894	15143	10285	12071	18175	9877	5707	5963	7730	10797
AT5G08370.1	AtAGAL2, AGAL2 - alpha-galactosidase 2	1.77E-01	2.54	66	1	1	0h	24h	68638	34233	42954	43100	37249	43855	33660	31218	41127	29906	32124	32318	28043	12428
AT3G10670.1	ATNAP7, NAP7 - non-intrinsic ABC protein 7	1.78E-01	2.05	473	8	6	2h	24h	329767	372482	529021	376799	378725	371590	296445	334699	533108	324145	314901	378618	286329	156031
AT1G26160.1	Metal-dependent phosphohydrolase	1.78E-01	4.12	60	1	1	4h	24h	7196	8838	28151	12931	28874	13719	10588	25970	23120	11301	13412	10181	8100	2241
AT3G05730.1	Encodes a defensin-like (DEFL) family protein.	1.80E-01	10.03	59	2	2	2h	24h	50584	31767	154905	39054	131476	51147	31604	59454	64445	28492	36420	69783	18578	765
AT4G25050.1	ACP4 - acyl carrier protein 4	1.80E-01	1.38	551	4	4	2h	6h	3399691	3115522	3854693	3593586	3541852	2768813	2833108	2561018	3101632	3643176	2967028	3180454	3132126	2545971
AT1G29960.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	1.81E-01	1.98	703	16	16	2h	24h	900209	1080024	1293446	911095	1098734	875800	923053	1147423	1176774	776813	1027428	1044448	730648	381857
AT4G16830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	1.83E-01	1.67	640	12	12	8h	24h	846594	888730	1152403	867408	1006859	949538	909084	1066852	1242461	838819	799582	1024984	718315	530287
AT1G80600.1	WIN1 - HOPW1-1-interacting 1	1.83E-01	1.27	467	9	9	8h	24h	1307765	1382169	1400324	1343692	1446675	1353281	1326364	1383366	1458612	1448809	1432762	1151865	1232826	1061681
AT1G31180.1	ATIMD3, IMD3, IPMDH1 - isopropylmalate dehydrogenase 3	1.84E-01	1.25	613	9	5	0h	10h	811674	936881	749517	740881	740946	669339	715871	788928	824789	691816	704859	694402	692898	741609
AT1G76450.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	1.84E-01	1.89	213	4	4	0h	10h	533785	550454	312278	344968	241867	345090	324108	372907	432178	338133	195498	378175	333045	410803
AT1G22400.1	UGT85A1, ATUGT85A1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.85E-01	16.02	115	4	4	24h	0h	36390	63134	34906	208322	69778	76794	92300	97412	30947	299574	94963	30634	416006	1178166
AT3G48750.1	CDKA;1, CDC2AAT, CDC2, CDC2A, CDKA1 - cell division control 2	1.85E-01	1.97	23	1	1	24h	4h	3187	3656	2461	2324	1790	2537	5337	2684	2636	2909	1629	3043	4047	4490
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	1.86E-01	1.85	590	9	9	0h	24h	1294555	966164	1063881	831956	977896	948190	845685	827006	1054576	641292	845585	1175079	649433	572191
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	1.86E-01	1.62	235	4	4	0h	24h	614095	432186	376709	427014	373264	422465	340875	424484	410722	323425	434422	466336	358735	288207
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	1.87E-01	2.21	795	15	2	2h	0h	41841	39656	96167	84184	39964	68325	42082	50562	91074	60116	68550	31069	61357	69745
AT3G47520.1	MDH - malate dehydrogenase	1.88E-01	1.36	964	15	13	24h	10h	2575066	2736113	2339322	2889044	2362488	2067539	2270218	2443074	2134597	2472554	2146390	2010796	2471543	3198491
AT2G36460.1;AT2G36460.2	Aldolase superfamily protein	1.89E-01	1.45	1941	27	11	24h	0h	1394903	1354544	1158595	1616717	1422389	1473419	1349855	1431650	1323528	1654303	1535508	1914467	1764973	2210068
AT1G69920.1	ATGID2, GID2 - RAB GDP dissociation inhibitor 2	1.89E-01	2.24	251	5	2	24h	2h	76752	92251	100637	54333	82416	83604	67679	100149	117232	66333	103595	80279	100235	102355
AT1G12780.1	UGE1, ATUGE1 - UDP-D-glucose/UDP-D-galactose 4-epimerase 1	1.89E-01	3.81	156	2	1	6h	24h	2777	2262	3749	1311	2146	1863	2888	2256	1627	1541	1989	2630	1198	152
AT2G40020.2;AT4G30620.1	Uncharacterised BCR, YbaB family COG0718	1.89E-01	2.37	50	1	1	2h	10h	10660	13542	20662	19775	12309	13040	12918	21181	11736	16961	4819	12208	9907	11759
AT1G77500.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	1.90E-01	1.37	24	1	1	4h	24h	334262	319244	321777	318017	369277	314788	295753	293619	280697	261685	282054	316759	203848	294821
AT4G13280.1	AOC4 - allene oxide cyclase 4	1.90E-01	4.25	67	2	1	0h	2h	97527	62308	17887	19733	10612	54495	39208	18917	50518	32335	46339	35844	56313	74861
AT1G55210.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	1.90E-01	Infinity	51	1	1	24h	0h	0	0	0	12745	1647	1454	1160	1668	3276	14664	1701	0	4600	20093
AT3G27310.1	PUX1 - plant UBX domain-containing protein 1	1.90E-01	3.86	57	1	1	6h	10h	24560	32193	27950	46802	14436	33791	30347	54651	25858	28025	3177	18819	46500	35288
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	1.90E-01	1.30	637	9	9	8h	6h	2125042	2077224	2223745	2415624	1806563	2087482	1838998	1797757	2040778	2695958	1669104	1985419	1988800	2269557
AT5G35170.2	adenylate kinase family protein	1.90E-01	1.83	142	2	2	2h	24h	70931	75829	111350	111337	86471	61624	70681	92408	60927	107125	59026	69859	62841	58871
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	1.91E-01	1.42	640	11	11	24h	0h	1118740	1343827	1250171	1703959	1327108	1670682	1395828	1435246	1735521	1664198	1486705	1481261	1841362	1664048
AT5G05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	1.91E-01	2.27	85	2	2	8h	10h	45042	59262	70600	62612	39666	47670	54071	56478	103721	67393	25158	50112	64369	37313
AT5G14290.1	PAC2 - 20S proteasome alpha subunit E2	1.91E-01	4.23	711	10	10	24h	0h	7662	6864	11887	10149	19730	10157	6128	17290	15210	6607	10586	9596	5309	1761
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLUS, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	1.91E-01	1.32	5942	77	66	10h	24h	46626384	39600857	42095950	41473079	41669179	37309348	38330032	35446531	43428472	36210231	38525649	47954387	34325037	30961976
AT1G24180.1	IAR4 - Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	1.92E-01	3.60	416	7	4	24h	0h	16710	67768	43498	55488	39682	71891	46137	83848	55220	80906	51330	42005	126269	177875
AT5G06600.1;AT3G11910.1;AT5G06600.3	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	1.93E-01	1.67	457	12	12	24h	10h	649591	762150	562323	721030	571310	641447	642025	632182	602389	692194	539226	642001	753580	1222869
AT1G48600.2;AT3G18000.1	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.93E-01	1.48	432	7	7	0h	10h	343065	472195	380519	402593	408993	328622	405040	366799	417646	379247	242546	306820	350710	420086
AT3G54400.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.94E-01	2.99	98	3	3	10h	24h	324663	219090	364158	275656	267779	207684	258278	161430	283305	187666	254823	564655	171926	101718
AT1G79210.1	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	1.94E-01	3.05	93	3	1	24h	24h	174252	105767	137668	117888	136825	125005	98959	159766	190460	101757	126170	119700	78791	16889
AT1G41830.1;AT4G22010.1	SKS6 - SKU5-similar 6	1.94E-01	3.31	127	3	1	0h	2h	40921	43329	3543	21920	14835	25084	22350	20695	32250	21568	23252	21500	33844	49339
AT1G64920.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.94E-01	3.35	28	1	1	0h	24h	50531	20197	28818	23797	26118	27184	16430	39214	30148	15539	13063	16038	8807	12287
AT2G24130.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1.95E-01	2.52	23	1	1	0h	10h	8259	9079	8071	4300	5438	6661	4901	5612	8746	4142	3754	3116	8774	6111
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	1.95E-01	2.55	34	1	1	0h	2h	11088	7733	3989	3397	3644	6091	5542	5521	2372	6592	7884	5561	6901	11881
AT3G55530.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	1.96E-01	2.24	87	3	3	24h	0h	52228	46199	76774	42965	90760	92858	95584	76935	116722	59092	80598	106629	133553	86485
AT5G52920.1	PKP1, PKP-BETA1, PKP2 - plastidic pyruvate kinase beta subunit 1	1.97E-01	1.37	189	5	5	0h	24h	226122	230059	202776	178166	209703	174457	174267	180765	201037	161714	198564	242281	147404	184794
AT3G47200.1	Plant protein of unknown function (DUF247)	1.98E-01	1.85	25	1	1	10h	8h	1154199	726100	1015296	794559	1426537	1141064	1059192	924676	559946	1003020	1348251	1550049	979519	818344
AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	1.98E-01	2.46	181	3	2	0h	24h	48369	36889	21251	45085	20611	29998	29987	30747	24771	27630	13827	26989	19553	15148
AT3G14920.1	Peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A protein	1.99E-01	2.36	32	1	1	0h	10h	16428	9559	13027	10685	5879	11342	5272	8356	6741	9441	6946	4065	6096	7187
AT1G31860.1	AT-IE, HISN2 - histidine biosynthesis bifunctional protein (HISIE)	2.00E-01	1.92	105	2	2	0h	4h	38768	57375	39770	38047	26036	24158	43031	28863	32521	36738	25040	29304	37630	20565
AT5G55310.1	TOP1BETA, TOP1 - DNA topoisomerase 1 beta	2.00E-01	3.19	20	1	1	0h	10h	12997	23023	38330	70721	71353	43386	51173	43622	25483	62580	26346	44290	45722	30890
AT1G20510.1;AT1G20510.2	OPCL1 - OPC-8:0 CoA ligase1	2.00E-01	2.17	126	2	2	6h	2h	20085	40787	17301	20296	20016	29490	33589	47907	31782	21495	23693	22142	32619	41493
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	2.01E-01	2.24	38	1	1	0h	24h	34429	42270	39942	36465	30438	23218	38736	23351	27067	21173	18111	40892	17975	16333
AT5G38410.1;AT5G38410.2;AT5G38410.3	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	2.02E-01	1.55	1683	20	7	0h	24h	172558156	180947753	167260284	168389541	165869679	130585105	152632416	166086233	194051699	153676975	180725686	124520484	129364059	98826848
AT3G29360.1;AT1G26570.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.02E-01	1.59	509	10	3	24h	0h	202218	180900	257555	223257	225009	189901	202508	210664	299917	203370	256847	234129	355153	254448
AT5G57040.1	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	2.02E-01	2.27	82	2	2	4h	24h	76501	91152	152858	95185	148367	101187	76649	150872	135813	83633	97371	93817	50166	59760
AT4G16143.1	IMPA-2 - myo-inositol monophosphatase 2	2.03E-01	2.06	99	2	2	2h	10h	53466	55347	61179	70553	48416	31853	41014	72817	37326	45887	20343	43668	30050	37060
AT5G63800.1	MUM2, BGAL6 - Glycosyl hydrolase family 35 protein	2.03E-01	1.43	499	10	10	0h	6h	851560	630793	520768	590238	504581	620547	496774	537346	575819	608367	563578	480356	556708	640795
AT5G11170.1;AT5G11170.2;AT5G11200.2	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	2.03E-01	1.30	562	12	12	2h	10h	1040837	1171923	1350773	1282679	1267753	860285	958743	1082953	1230478	1198396	1051981	968530	1300142	1306872
AT3G14390.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	2.04E-01	1.68	558	11	3	24h	2h	124309	157031	72087	113402	97185	104334	144819	97462	129081	142399	136803	128150	132685	178345
AT5G26570.1;AT5G26570.2	PWD, OK1, ATGWD3 - catalytic;carbohydrate kinases;phosphoglucan, water dikinases	2.04E-01	1.81	627	13	13	2h	10h	473683	594759	577655	667891	435885	462098	503504	541951	506694	520290	225565	462292	473064	403032
AT1G49380.1	cytochrome c biogenesis protein family	2.04E-01	Infinity	22	1	1	24h	4h	0	3565	0	44	0	0	0	0	5	1263	41	0	3512	11100
AT1G77490.1	TAPX - thylakoidal ascorbate peroxidase	2.04E-01	6.63	121	3	1	24h	8h	32361	34185	15887	33682	23415	22145	31851	21686	15264	24564	22248	30221	39340	224630
AT1G73260.1	ATKTI1, KTI1 - kunitz trypsin inhibitor 1	2.04E-01	Infinity	73	1	1	8h	6h	0	10569	0	3575	0	2349	0	0	4123	105988	0	0	3512	73153
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	2.04E-01	85.35	128	3	1	24h	10h	1614	2556	994	1502	1038	0	6001	3641	2321	7269	0	643	23517	31364
AT4G10050.1	esterase/lipase/thioesterase family protein	2.05E-01	3.72	40	1	1	24h	4h	3470	4602	3548	5901	2409	2913	4187	6313	2302	9517	3578	2030	9666	10108
AT2G35980.1	YLS9, NHL10, ATNHL10 - Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family	2.05E-01	54.85	33	1	1	24h	2h	1156	2190	1008	0	4252	992	1682	1099	552	1084	1731	1854	14880	40435
AT5G15970.1	KIN2, COR6.6 - stress-responsive protein (KIN2) / stress-induced protein (KIN2) / cold-responsive protein (CORI	2.05E-01	3.20	188	2	2	0h	10h	11619	19339	10776	4628	3093	8038	3925	7785	10471	10089	3743	5924	6638	6052
AT5G53140.1	Protein phosphatase 2C family protein	2.05E-01	1.80	171	3	3	2h	0h	62526	100701	161286	132623	124135	90193	65210	100137	145238	100811	100768	76561	81354	91686
AT1G21110.1	O-methyltransferase family protein	2.06E-01	8.67	566	9	1	8h	0h	4337	5088	6435	10205	3069	7484	35107	43561	50785	30894	57984	1624	32802	41115
AT5G47840.1	AMK2 - adenosine monophosphate kinase

AT2G21060.1	ATGRP2B, ATCSP4, GRP2B - glycine-rich protein 2B	2.08E-01	24.61	97	2	2	24h	4h	32304	30090	10300	40487	785	25797	37029	38785	43278	42588	305	29212	239818	414436
AT3G28220.1	TRAF-like family protein	2.08E-01	4.13	102	2	2	0h	24h	96154	47594	41285	60923	37883	75931	17463	83224	56790	82713	30695	12378	12849	21951
AT5G65780.1	ATBCAT-5 - branched-chain amino acid aminotransferase 5 / branched-chain amino acid transaminase 5 (BCAT	2.08E-01	1.52	149	5	3	4h	24h	161435	91964	146952	127501	144755	129881	100639	102444	103956	84839	146906	115104	98246	82006
AT1G18000.1	Major facilitator superfamily protein	2.10E-01	5.08	20	1	1	24h	10h	16093	8982	16124	14762	12604	18453	14004	21851	25473	13899	10622	12914	22603	96848
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-l-glutamate kinase	2.11E-01	1.51	277	4	4	0h	10h	6008844	600375	468595	448372	534268	421560	493538	511590	400651	611277	387520	408918	444707	435122
AT4G21210.1;AT4G21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	2.11E-01	2.26	55	1	1	2h	24h	136283	320718	303496	310356	241359	153865	224009	304260	171453	189556	187910	179482	137867	133883
AT1G28350.1	Nucleotidylyl transferase superfamily protein	2.12E-01	1.68	23	1	1	6h	4h	94085	102465	52604	99981	67348	70815	117748	113853	66332	97395	100525	105415	78247	75104
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	2.12E-01	2.67	609	9	3	24h	2h	28305	67589	32286	43914	58691	39810	64170	33963	42385	34734	44859	76654	99044	104607
AT4G18370.1	DEGS, DEGP5, HHOA - DEGP protease 5	2.12E-01	5.13	58	1	1	4h	24h	27917	14664	11709	29687	30123	20079	12096	18656	23380	7302	23756	25724	9005	781
AT1G78850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	2.12E-01	2.36	424	9	4	24h	6h	462634	362646	322350	506905	343755	433026	275134	310636	311816	519191	444654	241431	587851	796616
AT2G34590.1	Transketolase family protein	2.13E-01	5.53	144	4	1	8h	24h	20196	18855	33586	5307	30874	20877	21698	24257	40979	13592	25351	23424	7777	2089
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	2.14E-01	1.57	2046	28	27	10h	24h	23103088	24253947	32045413	22901273	28275374	26013324	28394347	23161921	28998762	23721589	27052511	29685503	21740894	14388397
AT2G30695.1	unknown protein	2.14E-01	2.76	161	3	3	0h	10h	31261	58981	32516	42438	12746	23493	30875	33464	29915	37942	8995	23663	21319	46313
AT3G03900.1;AT2G14750.1	APK3 - adenosine-5'-phosphosulfate (APS) kinase 3	2.16E-01	2.46	23	1	1	6h	4h	4002	4629	5205	4169	1647	4651	6521	8964	4640	7689	3944	5605	5825	8659
AT1G19400.1	Cysteine proteinases superfamily protein	2.16E-01	16.28	31	1	1	8h	0h	2504	0	3991	1155	8780	16914	6525	17095	16841	23906	9693	10649	19901	13580
AT2G03750.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.16E-01	2.16	60	2	2	0h	4h	33210	69765	35411	43746	26050	21552	37369	40786	22637	33918	23782	27452	25646	39902
AT4G19110.1	Protein kinase superfamily protein	2.17E-01	4.00	24	1	1	24h	0h	5014	6684	8872	5053	6210	8419	5767	12115	8180	7023	16471	3875	22162	24581
AT2G47970.1	Nuclear pore localisation protein NPL4	2.17E-01	5.03	98	1	1	24h	0h	6024	10726	13263	40097	28797	20000	24207	14000	14078	38489	26064	17311	30114	54203
AT1G73530.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.17E-01	Infinity	30	1	1	10h	2h	2220	447	0	0	1129	7668	9957	826	884	0	0	11011	4134	3245
AT3G04550.1	unknown protein	2.17E-01	1.32	254	4	4	2h	24h	413467	421141	482208	467280	490145	361782	424282	369637	399889	329363	373457	347238	340640	376578
AT1G56345.1	Pseudouridine synthase family protein	2.18E-01	10.07	26	1	1	24h	4h	1011	3556	1219	3218	435	2833	5691	2216	2325	12031	3389	2918	9081	23843
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	2.18E-01	1.78	27	1	1	8h	4h	33383	52923	39248	53854	29708	33000	27669	39420	57421	54263	32756	47375	60941	43562
AT1G80480.1;AT1G15730.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	2.18E-01	1.74	164	4	4	2h	0h	61818	91646	137642	129704	123773	107022	111269	96757	71896	111611	82532	109474	83696	103205
AT2G34230.1	Protein with domains of unknown function (DUF627 and DUF629)	2.19E-01	2.63	25	1	1	10h	24h	76208	54146	83489	81012	76685	66939	63440	56110	84413	51217	109197	70047	52484	15639
AT4G33580.1	ATBCA5, BCA5 - beta carbonic anhydrase 5	2.19E-01	2.25	114	2	2	24h	6h	64324	61502	76075	43957	61621	60826	60459	56891	104929	43906	51233	72894	113374	151124
AT5G36160.1	Tyrosine transaminase family protein	2.20E-01	1.36	211	4	4	2h	0h	127755	143209	170695	198869	174668	159629	161259	166976	159783	171400	179823	147378	159639	204965
AT5G03300.1	ADK2 - adenosine kinase 2	2.20E-01	1.38	941	16	5	0h	4h	445669	444011	259249	391133	324540	318199	349025	373850	357938	380192	381451	401370	370306	471352
AT4G09000.1;AT1G34760.1;AT4G09000.2	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	2.20E-01	2.05	1524	19	8	24h	4h	1797712	2478534	1332087	2689408	1685369	1330547	1843938	1629502	1705964	2320730	1667512	1510741	2661795	3525082
AT4G01940.1	NFU1, AtCNFU1 - NFU domain protein 1	2.21E-01	1.84	169	3	3	8h	10h	23482	45073	36741	51605	28336	28673	28205	31565	47288	42565	25595	23179	35921	22362
AT4G29840.1;AT1G72810.1	MTO2, TS - Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein	2.21E-01	1.37	521	10	9	2h	24h	1484205	1229512	1466180	1379327	1447288	1270018	1220911	1136723	1470047	1161209	1396833	1152448	1114599	956881
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	2.21E-01	1.94	924	15	14	0h	24h	1192643	913694	1117071	824663	536035	742433	736835	623153	790908	636512	437375	847391	443863	639183
AT3G14067.1	Subtilase family protein	2.24E-01	1.31	940	15	15	0h	4h	4872215	3802891	3261671	3700078	3104442	3506877	3198662	3619616	3315270	3767589	3590899	3045431	3804322	4767741
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	2.24E-01	1.59	144	3	3	8h	10h	152590	212391	142696	179127	159787	162470	166603	254987	220760	216328	148156	125944	188751	162874
AT2G47250.1;ATSG62310.1	RNA helicase family protein	2.25E-01	2.62	59	1	1	2h	4h	2792	4146	6086	11905	5170	1684	4505	4980	4756	7763	4615	2742	8546	5943
AT1G05190.1	embZ394 - Ribosomal protein L6 family	2.27E-01	1.54	347	8	7	8h	4h	935571	1241139	1082985	846474	696824	880947	1017703	857262	1253414	1173165	1083019	738920	1250377	1125783
AT1G17550.1	HAB2 - homology to ABI2	2.27E-01	1.84	24	1	1	0h	6h	4070	5540	3459	4164	5684	2840	2345	2874	2806	3048	4523	4498	3072	4133
AT1G55260.2	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.27E-01	3.13	58	1	1	4h	24h	52295	38608	74849	44024	73865	51361	47211	35987	53954	48988	52428	50017	34717	5239
AT1G78870.1;AT4G79870.2	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein	2.27E-01	1.72	283	4	4	24h	0h	75294	121022	114694	125075	95411	114990	124456	128668	172649	128558	128430	204310	132948	132948
AT2G43570.1	CHI - chitinase, putative	2.28E-01	6.14	499	4	4	24h	10h	478034	866352	560110	1490882	549764	923602	692969	1359263	411485	1592144	698006	285550	2006990	4032496
AT1G70890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	2.28E-01	1.87	318	7	7	0h	10h	950386	1002653	604006	908540	497880	901689	699363	701491	764530	1056117	563564	480540	713596	636481
AT3G57890.1;AT3G57890.2	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	2.28E-01	1.80	31	1	1	6h	10h	46013	61134	68095	51080	51695	25519	52927	68462	49333	45007	33941	33318	50555	39666
AT5G66120.2;ATSG66120.1	3-dehydroquinate synthase, putative	2.29E-01	1.89	273	5	5	24h	10h	285461	341433	238576	269046	249952	234817	281461	303356	259623	306693	248761	203406	287557	566595
AT1G76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	2.30E-01	1.37	203	3	3	8h	6h	11686996	8218951	10225324	9439948	9510682	9676390	7123058	7959392	10805409	9882666	10312036	8285156	8566462	7164298
AT4G28730.1	Glutaredoxin family protein	2.31E-01	1.99	39	1	1	24h	4h	82149	77118	75872	56816	44191	46912	80092	87332	71968	56559	31990	81205	87270	93913
AT4G10480.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	2.31E-01	9.20	65	2	2	24h	4h	14707	50231	16768	54605	7300	20246	84757	43983	30912	33637	13983	16877	35919	217638
AT5G20570.1;ATSG20570.3	ROC1, RBX1, HRT1, ATRBX1 - RING-box 1	2.31E-01	29.26	39	1	1	2h	4h	1607	1556	7186	5833	445	0	1220	3741	1522	6580	741	0	2159	10242
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	2.33E-01	7.68	47	1	1	2h	24h	6359	23736	49134	26842	40131	9539	32724	22182	30537	22729	1749	17887	4709	5189
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	2.33E-01	2.53	274	7	6	0h	4h	455096	1296985	706887	856959	313927	377805	438941	496464	518287	1020869	423881	406414	569968	753722
AT5G61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	2.33E-01	1.43	291	5	5	0h	24h	4279389	5993997	4698283	4690511	3812080	3705300	4234421	5179873	4482331	4095821	3144466	4169827	4089498	3115822
AT4G18810.1;AT4G18810.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.34E-01	1.29	119	4	4	0h	2h	844807	732902	593617	631276	724237	693438	611468	673651	890923	652512	699128	653980	653563	637270
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	2.35E-01	2.17	82	2	2	2h	10h	13161	19331	26898	17670	20869	12228	10263	17496	13735	13809	7949	12594	11108	10041
AT5G57870.1;AT5G57870.2	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	2.35E-01	2.94	158	2	1	24h	4h	14986	26845	14161	32463	5542	13615	17313	23700	14881	27324	6236	13729	21827	34570
AT5G17920.1;AT2G43800.1;AT5G20980.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	2.35E-01	1.34	3814	52	26	24h	6h	24005515	25853746	19325405	24643223	23492107	19947768	21047016	22051585	22634713	22998992	26516791	26576273	24294561	33618906
AT3G50440.1	ATMES10, MES10 - methyl esterase 10	2.36E-01	1.87	138	2	2	8h	24h	76108	117173	162213	104661	115191	144368	105053	143145	143221	143632	127780	123248	98336	54973
AT1G48090.1	calcium-dependent lipid-binding family protein	2.36E-01	2.97	44	2	1	10h	24h	29694	18639	27370	17451	33100	26959	21078	25022	30194	9331	30562	38880	14269	9078
AT1G03600.1	PSB27 - photosystem II family protein	2.38E-01	1.99	229	2	2	0h	10h	793621	762289	637419	663741	343763	636356	593898	633775	521251	577519	234511	546238	773200	663347
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	2.39E-01	1.53	40	1	1	0h	24h	21152	18606	14062	17887	19462	15925	16308	14040	13346	14623	14830	18398	10530	15474
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.39E-01	1.64	497	11	10	8h	10h	1053740	1725666	1458859	1425992	1159866	1258459	1551641	1236872	1398291	1608244	740800	1087409	1119913	1265266
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	2.39E-01	2.83	88	2	2	24h	10h	18267	26563	19605	25669	20332	27293	19047	31679	21308	19361	18209	9472	26094	52137
AT1G17860.1	Kunitz family trypsin and protease inhibitor protein	2.39E-01	2.06	241	3	3	0h	4h	214466	165405	132842	171482	47736	137079	115541	194811	175380	180766	82087	108691	132292	122202
AT4G16500.1	Cystatin/monellin superfamily protein	2.39E-01	4.15	76	1	1	0h	10h	8009	10739	23396	9355	19096	9365	11832	20112	13356	11846	7830	9627	7207	687
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	2.41E-01	2.48	327	6	5	0h	10h	361959	346603	200988	262241	161143	300843	163628	136501	181871	374867	135634	149909	160521	341685
AT2G39080.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.41E-01	1.81	59	1	1	2h	24h	44971	33460	43830	56841	56478	40941	45925	31821	44519	47155	42613	50169	35626	20138
AT5G38430.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	2.41E-01	1.64	1477	21	8	8h	24h	45595803	46536163	44826484	50343561	45314065	34603695	38129480	48501111	54201407	42800011	48444043	29423465	32420853	26648788
AT2G42600.1	ATPPC2, PPC2 - phosphoenolpyruvate carboxylase 2	2.42E-01	1.22	2646	43	31	8h	0h	5010631	5891974	6484001	6252417	6514324	5807449	5874408	5747023	7037566	6221144	6431965	5508503	6683703	6469387
AT5G49140.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	2.42E-01	5.06	21	1	1	2h	24h	5067	6230	12557	8310	11789	4942	8964	11682	2336	9553	5519	3952	3824	300
AT2G41680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	2.43E-01	1.28	635	10	10	2h	10h	1036708	1200796	1146799	1435430	1132007	1147395	1136355	948915	1178815	1301589	947673	1075299	1061750	1054786
AT5G13030.1	unknown protein	2.44E-01	1.32	503	9	8	24h	10h	223899	271346	275834	319304	261260	263500	241274	226144	256118	320014	267377	194198	292373	317143
AT5G65683.1	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	2.45E-01	3.92	37	1	1	24h	0h	11667	12200	12832	12861	12127	21943	18040	35088	29984	22658	59242	10992	49206	44321
AT5G52960.1	unknown protein	2.45E-01	12.58	31	1	1	0h	2h	8149	8959	0	1360	2598	6055	10189	4364	3178	1338	2398	12255	10386	4778
AT1G65930.1;AT1G54340.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	2.46E-01	1.39	1927	28	24	24h	0h	6761770	6055400	6998519	7073252	7771333	6754883	5833632	7130398	7675299	6398659	7685810	6281483	7977643	9850090
AT1G01475.1;ATG03205.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-1 - coproporphyrinogen III oxidase	2.46E-01	1.20	702	13	13	0h	24h	2555149	2544919	2540206	2509859	2283570	2051434	2646579	2149570	2344215	2397663	2208728	2364446	2282105	1975724
AT1G64520.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	2.46E-01	1.88	111	2	2	24h	4h	39832	79477	61210	71121	54338	47319	62105	56619	76558	83096	40730	67454	109001	82419
AT4G04610.1;AT4G21990.1	APR1, APR, PRH19, ATAPR1 - APS reductase 1	2.46E-01	13.20	125	2	2	24h	2h	1235	7669	2354	6110	7803	1458	11231	15887	2231	28776	14749	7124	27057	84694
AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.47E-01	2.65	398	8	8	24h	0h	89596	106463	255953	119929	183127	117893	176085	128729	115514	136229	183974	210989	169988	350509
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.48E-01	1.36	987	15	13	2h	6h	2512225	1868952	2758695	2484138	2179689	2061617	1796237	2050115	2246269	2308517	2088257	2242802	1954654	2261490
AT2G26930.1	ATCDPMEK, PDE277, ISPE, CDPMEK - 4-(cytidine 5'-phospho)-2-C-methyl-D-erithritol kinase	2.48E-01	1.66	250	5	5	24h	2h	367846	336005	177080	253975	198567	286072	315565	276724	213312	324588	190935	274513	304994	410201
AT1G23360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.48E-01	1.37	288	4	4	24h	10h	910638	1058896	847898	1253722	870751	816798	961857	883188	981136	1154580	757583	809999	998647	1150630
AT3G49470.1	NACA2 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	2.49E-01	9.16	97	1	1	24h	10h	10062	27298	6677	29604	3321	9832	34594	14700	16537	30656	1099	6463	10474	58764
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.49E-01	1.32	460	9	8	0h	4h	298968	341137	280029	243516	251264	233492	279498	250405	320187	243060	290611	269588	291960	312256
AT4G04020.1	FIB - fibrillin	2.50E-01	2.11	246	5	4	6h	24h	91460	154505	148882	130484	117654	95733	172838	129424	136341	106205	53270	118231	86708	56484
AT5G38980.1	unknown protein	2.50E-01	1.98	71	2	2	8h	10h	459546	370939	262536	468532	275555	440178	206376	252649	359452	509170	290516	148841	269831	346914
AT3G57240.1	BG3 - beta-1,3-glucanase 3	2.51E-01	4.18	33	1	1	24h	0h	958	3203	3789	7737	1406	4581	3427	9140	1799	3351	3782	8656	10466	6943
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrir	2.51E-01	18.24	81	2	2	2h	24h	18368	24740	77504	57675	24299	35208	29379	35586	19109	22705	869	46703	3421	3992
AT3G16850.1	Pectin lyase-like superfamily protein	2.51E-01	1.57	32	1	1	0h	10h	33269	25384	19863	30655	24286	26545	26563	24555	26597	25359	16812	20616	22519	22898
AT5G17550.1	PEX19-2, AtPEX19-2 - peroxin 19-2	2.51E-01	1.90	77	1	1	24h	0h	4865	8221	5875	9225	13481	10860	6362	12484	8208	8055	6900	8532	11341	13577
AT3G04880.1	DRT102 - DNA-damage-repair/toleration protein (DRT102)	2.52E-01	1.78	27	1	1	4h	24h	4005	4209	4912	3083	5558	4867	2764	4087	3288	4784	4177	4287	2805	3063
AT5G45930.1	CHL12, CHI, I2, CHLI-2 - magnesium chelatase i2	2.54E-01	1.91	482	9	1	2h	24h	29797	41314	58655	47917	57304	33007	51700	44591	41326	24109	32083	44547	26286	29412
AT5G24300.1	SS1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	2.54E-01	1.43	431	8	8	0h	10h	482931	585490	402815	533591	465641	347152	477545	423382	459623	415799	354770	394799	478709	543740
AT5G17530.3;ATSG17530.1	phosphoglucosamine mutase family protein	2.55E-01	1.39	257	3	3	0h	4h	144080	189786	122497	147987	123727	117072	142502	181331	162729	142211	128823	144083	141605	122719
AT2G23120.1	Late embryogenesis abundant protein, group 6	2.59E-01	2.44	265	4	4	8h	24h	1260394	1024316	1773448	1059707	1294351	1360174	817797	1729739	1374057	1715579	654258	983738	928747	335231
AT2G22400.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.60E-01	5.87	23	1	1	24h	10h	18161	13881	15750	7912	7694	14257	17705	21322	10270	15057	15591	2497	22531	83663
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	2.62E-01	3.10	184	4	3	24h	0h	16037	66812	112532	35609	91661	78763	120507	90128	60452	69082	99107	109600	139419	117288
AT2G16600.1;AT2G16600.2	rotamase CYP 3	2.63E-01	1.26	910	11	8	2h	4h	9770107	9204434	10762871	10917259	7545131	9645776	8769704	9827212	11057106	9495564	8947276	8444813	11109443	9324728
AT5G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	2.64E-01	1.97	1314	19	18	24h	4h	1273275	1827983	1244304	2003102	1295193	1757446	1375559	2092223	1876973	2288203	1993602	1073956	2604327	3417633
AT2G27030.1	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	2.64E-01	4.47	602	8	1	24h	2h	1126291	981091	216689	711124	253406	676003	565570	456074	400727	1144247	610523	475357	968096	3175340
AT1G01100.1	60S acidic ribosomal protein family	2.64E-01	30.42	32	1	1	6h	0h	5669	0	143727	15036	45915	15958	104750	67693	28023	6647	10149	18016	23366	2532
AT2G17990.1	unknown protein	2.65E-01	1.71	24	1	1	2h	24h	43594	49180	51029	57547	51281	43462	53799	49238	59097	45406	43752	34947	43404	20242
AT4G19610.1	nucleotide binding;nucleic acid binding;RNA binding	2.65E-01	8.16	29	1	1	4h	24h	5992	2694	7679	2200	11298	8396	3036	11234	8910	1782	4363	5107	1860	554
AT5G17200.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	2.66E-01	1.77	107	2	2	2h	4h	49778	53878	43448	69948	26011	37960	45369	50148	38061	57017	33698	38870	38447	53779
AT2G21270.1	UFD1 - ubiquitin fusion degradation 1	2.66E-01	3.62	103	2	2	24h	4h	16388	15581	13952	20236	2547	11846	19227	22434	17056	16550	1927	13994	18340	33741
AT1G14850.1	NUP155 - nucleoporin 155	2.66E-01	3.17	24	1	1	10h	2h	12540	7951	5656	4015	13065	8592	22094	8455	9996	2193	13553	17137	9351	11164
AT5G43010.1;AT1G45000.1	RPT4A - regulatory particle triple-A ATPase 4A	2.67E-01	2.17	115	2	2	24h	6h	22257	42118	37477	39501	44083	33247	16962	40243	39064	48901	36007	32985	64083	59843
AT4G08770.1	Prx37 - Peroxidase superfamily protein	2.68E-01	2.36	85	1	1	0h	6h	44683	54318	23575	23959	34536	14757	20736	21280	27091	41762	36380	30152	25369	59348
AT4G37340.1	CYP81D3 - cytochrome P450, family 81, subfamily D, polypeptide 3	2.69E-01	2.46	25	1	1	8h	0h	8159	8921	15230	15567	27293	13796	11110	16388	16773	25245	27455	12654	19176	12892
AT2G17340.1	Uncharacterised conserved protein (UCP030210)	2.69E-01	1.18	167	3	3	4h	6h	271077	229786	266149	264774	274153	262426	242600	211993	251245	204782	232242	226328	275639	247782
AT2G04030.1;ATG04030.2	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	2.69E-01	1.59	1614	27	24	2h	24h	2757281	3356329	3863395	3088612	3276400	2283393	2704491	3353519	3221839	2476175	2252614	2734721	2292862	2080909
AT3G56460.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	2.69E-01	1.86	418	9	8	0h	10h	358144	481124	263273	465650	232700	325906	347032	374769	283848	389987	175912	275794	369305	445406
AT3G56310.1;AT3G56310.2	Melibiase family protein	2.70E-01	1.46	213	4	4	2h	24h	383120	307036	405396	460316	332846	435215	267808	377852	423908	399553	341589	324794	337966	255534
AT5G54600.1;ATG54600.2	Translation protein SH3-like family protein	2.71E-01	1.54	241	4	4	0h	4h	723616	813915	542960	519524	479575	519692	693263	362469	698872	621776	708019	519136	712904	766956
AT3G45140.1	LOX2, ATL

AT4G15545.1	unknown protein	2.73E-01	3.14	89	3	2	6h	10h	50940	58421	110399	67455	34501	71990	75687	117498	95301	61349	7178	54421	40479	29799
AT3G01390.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	2.73E-01	2.15	228	3	3	0h	10h	35158	60231	39121	29004	29556	36046	51847	41344	22445	47855	20422	23895	36373	58929
AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family protein	2.74E-01	2.85	294	5	4	0h	24h	107897	36832	50275	92425	41724	54001	38224	41199	48738	61099	34871	55080	29573	21130
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	2.74E-01	2.02	83	2	2	8h	2h	22025	31562	23085	30428	43200	34893	37746	46460	52951	55009	64091	27369	65415	36517
AT2G42130.3;AT2G42130.5	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.74E-01	1.90	232	5	1	2h	10h	47108	44375	53953	45628	44238	17834	47026	35055	44860	45969	22440	29970	30226	40780
AT5G52190.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	2.75E-01	2.10	203	3	3	8h	24h	26981	26120	35943	43257	27150	33514	14736	39472	42079	54917	27559	32046	27040	19133
AT1G64080.1	unknown protein	2.76E-01	1.80	24	1	1	0h	24h	230413	292935	209187	229726	250364	231485	257100	120806	278678	229577	243031	206599	169595	120429
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	2.77E-01	2.08	373	6	5	2h	24h	291818	436523	494118	345469	301517	440252	259911	405381	456998	333815	248761	313483	266359	137376
AT1G16350.1;AT1G79470.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.78E-01	1.30	209	5	5	4h	0h	169741	152341	185355	197614	224940	192435	187397	197264	205033	177734	184040	175261	190175	142151
AT1G01800.1;AT1G01800.2;AT2G24190.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.80E-01	1.24	462	9	5	6h	0h	253546	311643	320890	328397	366842	294094	348535	353017	295057	278366	319799	311167	301724	334089
AT1G33590.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	2.81E-01	1.56	881	13	10	24h	6h	1684323	1311997	1134464	1690410	1090736	1222875	1093821	1189519	1227599	1571322	1406085	1113818	1559476	2007798
AT5G50920.1;AT1G74310.1;AT2G25140.1;AT3G	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	2.82E-01	1.60	2089	32	30	0h	10h	4942640	7435854	6442407	5681632	5324073	3702746	6137962	5747595	4943521	5528941	3111195	4605768	5379180	3782919
AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.82E-01	1.68	291	5	5	0h	10h	852885	895578	478663	843043	530455	716692	685088	757633	697998	961838	480899	560468	678197	743847
AT1G08450.1;AT1G08450.2	CRT3, PSL1, EBS2, AtCRT3 - calreticulin 3	2.83E-01	4.49	296	4	4	24h	10h	231482	374172	193689	730528	108391	455015	426708	529421	303133	770491	89619	152393	490114	595918
AT1G62480.1	Vacuolar calcium-binding protein-related	2.83E-01	21.72	106	2	2	10h	6h	66947	1146	135326	26747	37151	17980	5522	2724	23119	2672	136643	42458	4009	5085
AT4G27450.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	2.84E-01	2.28	35	1	1	0h	8h	207393	109322	91882	173643	67471	83740	77096	109422	48054	90953	67628	85161	84919	126889
AT5G02490.1;AT1G56410.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	2.84E-01	3.29	1726	25	2	24h	0h	15502	24456	37676	70118	53222	38099	29463	49803	35663	84852	53918	17427	68589	62880
AT3G02230.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	2.85E-01	2.08	679	14	3	24h	4h	596847	672094	518152	825590	555751	538984	445015	658728	571992	882331	705555	458525	826986	1453161
AT2G47470.4;AT2G47470.2;AT2G47470.3	ATPDIL2-1, UNE5, MEE30, PDI11, ATPDI11 - thioredoxin family protein	2.85E-01	2.57	390	7	7	24h	10h	438480	544193	400394	867037	402522	618620	582257	586349	461955	959641	409550	444956	840710	1357773
AT3G15840.1;AT3G15840.5	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	2.85E-01	1.45	119	2	2	2h	10h	463561	385010	408895	528537	304976	464939	377384	346797	347930	382476	303646	341212	335201	320862
AT1G06860.1	MFP2, ATMFP2 - multifunctional protein 2	2.86E-01	2.20	138	3	2	24h	10h	24195	42312	29585	39146	22731	53126	38737	50337	40750	48362	24514	31050	62990	59373
AT5G20230.1	ATBCB, BCB, SAG14 - blue-copper-binding protein	2.86E-01	4.25	72	1	1	24h	0h	20050	55982	38070	64438	21748	72434	33249	103831	77384	48241	102548	59737	188341	134756
AT3G58140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase class IIc family protein	2.87E-01	1.58	444	10	8	24h	2h	471537	410383	299877	268712	289494	371104	399552	333742	374899	225978	309950	398691	370364	529971
AT5G10160.1	Thioesterase superfamily protein	2.87E-01	4.24	72	2	1	8h	24h	5355	4777	15122	7182	13626	7392	8020	6754	19986	4831	2449	6207	4739	1112
AT2G10950.1	BSD domain-containing protein	2.87E-01	13.67	23	1	1	6h	24h	15429	8579	29597	2762	26805	17757	22382	24688	28722	2597	15002	18161	3443	0
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	2.88E-01	2.87	73	1	1	0h	10h	16212	39393	20239	18267	17056	6851	11894	18213	8671	14001	7863	11544	13371	9238
AT5G58490.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.88E-01	1.69	72	2	2	2h	10h	34161	49039	42760	55469	36993	32791	34897	48707	37683	48239	28666	29353	39884	24821
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	2.88E-01	1.65	453	8	4	24h	6h	272669	221749	246951	264921	239249	256776	160899	311308	281461	283671	336007	247616	373517	407676
AT4G26300.1	emb1027 - Arginyl-tRNA synthetase, class Ic	2.90E-01	1.56	487	9	7	24h	10h	236538	275358	250700	312210	237252	251925	258915	276834	246518	305773	197211	279306	304546	439347
AT3G10020.1	unknown protein	2.91E-01	3.20	28	1	1	0h	24h	12802	5351	2172	4182	1932	5717	4906	3669	3290	2961	4129	3907	2790	2889
AT1G74990.1	RING/U-box superfamily protein	2.91E-01	2.93	26	1	1	2h	24h	2141	5905	4446	6112	4115	2242	5654	3393	2981	3872	4320	3532	1253	2350
AT3G01480.1;AT3G01480.2	CYP38, ATCYP38 - cyclophilin 38	2.91E-01	1.19	1093	13	13	8h	6h	6189528	5297729	5736047	5405195	5003867	5106962	4360510	5324682	6024772	5506730	5128301	4537463	4973952	5144954
AT5G41670.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	2.92E-01	1.69	988	16	4	6h	0h	69246	125740	176134	135713	181476	136782	147234	181477	148679	122319	145706	134086	143813	108078
AT2G29350.1	SAG13 - senescence-associated gene 13	2.92E-01	23.70	133	2	1	24h	10h	4059	86483	8910	55873	2457	48341	22391	75838	39386	141165	35839	6276	246024	752078
AT3G59980.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.93E-01	1.45	244	5	5	2h	24h	470838	353111	475380	425564	464210	418660	393096	450866	504082	340217	378409	393791	305254	315945
AT3G04620.1	Alba DNA/RNA-binding protein	2.95E-01	1.77	21	1	1	0h	8h	84209	85127	76128	33228	73437	79220	83361	68110	56433	39282	64409	56673	64561	77352
AT2G30210.1	LAC3 - laccase 3	2.95E-01	2.53	20	1	1	4h	0h	12481	9446	18108	27332	35057	20360	20077	18858	15604	33205	33354	16961	20436	23351
AT5G37420.1	Family of unknown function (DUF577)	2.96E-01	2.39	24	1	1	2h	24h	87076	58122	105210	213296	157023	144650	74489	99004	37311	123023	148607	100989	92099	83112
AT3G10740.1	ASD1, ARAF1, ARAF, ATASD1 - alpha-L-arabinofuranosidase 1	2.96E-01	1.66	356	4	4	0h	24h	259171	139855	136172	167670	166334	177161	125116	143627	156787	135762	167329	177845	122220	117858
AT2G38240.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	2.96E-01	103.98	139	3	3	24h	0h	0	2263	3671	3858	0	3073	1227	4610	6275	24918	7742	1735	41275	194023
AT5G15580.1	LNG1 - longifolia1	2.96E-01	11.55	23	1	1	2h	24h	31451	10852	93019	8948	57615	35255	22798	35646	41656	7927	18779	36016	6408	2419
AT5G28540.1;AT5G42020.1;AT5G42020.2	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	2.97E-01	2.17	1184	14	10	24h	10h	875427	1396209	1008947	1560683	917035	1231731	1078973	1281150	1356652	1541771	1362401	679688	1647023	2783523
AT3G06650.1	ALB-1 - ATP-citrate lyase B-1	2.98E-01	1.68	577	9	3	24h	0h	53031	100905	152947	105558	126687	121155	115443	109629	145550	96341	133889	113864	118268	139598
AT1G12900.1	GAPA-2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	2.98E-01	1.53	2290	30	4	8h	4h	3325633	3981048	3226145	4824318	3139236	3086948	3370354	2952081	3897956	5648909	3802903	3408204	3748868	4035003
AT4G11600.1	ATGPX6, PHGPX, LSC803, GPX6 - glutathione peroxidase 6	2.98E-01	1.81	201	4	4	8h	10h	536425	743013	613162	684189	503571	609511	549166	816550	599825	997549	433428	450937	923569	641803
AT1G03630.1	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	2.99E-01	5.83	24	1	1	24h	10h	33207	26819	33044	28656	10554	23641	35949	16945	18486	31796	1811	15558	19219	82005
AT2G44050.1	COS1 - 6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase / DMRL synthase / lumazine synthase / riboflavin synthase	2.99E-01	1.57	181	3	3	0h	24h	292485	278830	275139	259339	244612	235110	230918	268096	258227	236693	275424	215093	234459	128711
AT4G21445.1	unknown protein	3.00E-01	4.63	73	1	1	0h	10h	10212	27984	14145	11492	8315	3000	11192	16514	7337	11920	591	7655	9415	4530
AT5G49910.1	CPHSC70-2 HEAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat shock protein 70-2	3.00E-01	1.41	1603	24	10	2h	0h	2417917	2333007	3662386	3026459	2942329	3016817	2287422	2934899	3713646	2619399	3070492	2771845	2794698	2123021
AT2G33300.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	3.00E-01	10.62	28	1	1	0h	2h	4965	10775	0	1483	1268	1971	9363	1259	2181	3403	5730	3584	5375	6313
AT3G23570.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.00E-01	2.08	227	5	5	24h	2h	270520	357695	329389	224446	295690	389535	289668	436214	387321	416806	378505	191437	434712	716135
AT4G32520.1	SHM3, AtSHMT3 - serine hydroxymethyltransferase 3	3.00E-01	1.28	220	6	6	6h	24h	347743	362074	335154	352187	384228	320443	357431	375455	350171	299871	337138	369663	322817	249930
AT2G01790.1	TRAF-like family protein	3.00E-01	2.31	20	1	1	2h	0h	24903	20317	40723	63803	54791	43585	24116	39909	19944	33577	51789	30151	15616	40776
AT3G14930.1;AT3G14930.3	HEME1 - Uroporphyrinogen decarboxylase	3.01E-01	1.21	530	12	12	10h	8h	2097662	1727765	1889073	1836524	1967541	1663598	1778299	1494999	1578715	1614733	1930058	1929117	1532218	1772470
AT3G02720.1	Glycosyl hydrolase family 38 protein	3.01E-01	1.66	171	5	5	0h	4h	4584773	4797056	3323514	3625290	3669397	1985122	3164270	4927368	3565941	4090761	3182970	2931131	3350723	3292159
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	3.01E-01	1.45	506	12	11	10h	6h	430927	419982	483793	328889	320576	327956	288030	342484	444487	319783	403922	512668	330307	367914
AT3G08030.1	Protein of unknown function, DUF642	3.02E-01	1.72	794	14	14	0h	24h	3387464	2114712	3071547	2192481	2302642	2038327	2557514	2384054	3150262	2045277	2189337	2261221	1801961	1390687
AT1G45145.1	ATTRXS, ATH5, LIV1, TRXS - thioredoxin H-type 5	3.03E-01	10.98	156	2	2	24h	10h	25830	100372	12093	81736	27970	36176	45114	45723	12387	126637	22776	19988	207368	262286
AT4G34740.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	3.06E-01	1.91	48	2	2	2h	24h	113216	100266	148396	134454	141191	112649	91312	113240	122413	102252	71364	121698	100239	47997
AT5G16440.1	IPP1 - isopentenyl diphosphate isomerase 1	3.06E-01	1.38	94	2	1	24h	4h	147949	197750	117840	153067	155813	111916	169805	163549	140782	191564	130946	137941	180933	188855
AT2G22480.1	PFK5 - phosphofructokinase 5	3.08E-01	1.73	121	2	2	24h	10h	50438	37756	50663	49912	38887	67332	36011	50669	50951	42421	51800	33866	77546	76347
AT5G42765.1	unknown protein	3.08E-01	2.06	26	1	1	0h	10h	66791	66221	57723	50973	36581	36925	45512	61967	60793	40272	14825	49785	40192	31503
AT5G61480.1	PXY - Leucine-rich repeat protein kinase family protein	3.08E-01	1.68	22	1	1	4h	24h	1209193	1076998	1083605	1439453	1387617	1176402	1164864	1388051	1300252	1094106	1152542	1399279	1057182	468590
AT5G01650.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	3.08E-01	1.43	116	2	2	0h	10h	761590	688036	651793	552886	679735	629627	590823	742572	831256	532523	538900	472231	571789	472458
AT4G11260.1	ATSGT1B, ETA3, RPR1, EDM1, SGT1B - phosphatase-related	3.10E-01	2.10	320	4	4	24h	10h	153713	240660	188671	336370	201735	200510	233253	217077	164309	339981	190609	182689	328974	454212
AT4G15530.1	PFDK - pyruvate orthophosphate dikinase	3.10E-01	2.20	806	15	15	24h	10h	519549	631429	437920	724163	427853	746380	562279	833289	531062	956459	588017	458516	917538	1389188
AT4G19100.1	PAM68 - Protein of unknown function (DUF3464)	3.10E-01	6.70	20	1	1	4h	0h	301914	143658	611870	156322	604691	279214	266634	437259	648192	89456	310780	332648	115732	16217
AT3G01340.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.10E-01	2.09	141	3	3	0h	10h	180343	101050	111145	135276	65831	73963	59927	97761	75108	97016	61007	73406	75984	203506
AT1G55020.1	LOX1, ATLOX1 - lipoxygenase 1	3.11E-01	9.46	21	1	1	8h	24h	1148	11782	18395	5488	6708	8252	14295	7311	30533	7984	7634	13611	1523	2548
AT3G44100.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	3.12E-01	2.14	135	3	3	2h	10h	1193669	1099936	976274	1708638	560812	1174901	927222	972776	991262	1634371	473242	783120	976983	1029999
AT3G60080.1	RING/U-box superfamily protein	3.12E-01	5.38	29	1	1	4h	24h	38724	28699	84182	18872	68803	40750	40032	54453	69367	17102	45021	40544	20003	350
AT1G65980.1	HEXO3, ATHEX3 - hexosaminidase 3	3.12E-01	25.91	49	1	1	0h	4h	6438	16523	639	13528	0	886	4675	1619	1051	12551	1420	3836	1312	4652
AT4G23850.1;AT1G64400.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	3.12E-01	5.22	251	5	5	24h	10h	54306	134747	44653	162848	34833	61562	70362	123510	52479	168009	29790	42092	119697	255875
AT1G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	3.13E-01	2.60	117	2	1	10h	0h	21368	40809	47750	53541	76137	35344	83235	30632	27882	39530	90481	70996	53886	76723
AT1G35160.1;AT1G35160.2	GRF4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	3.14E-01	4.15	1047	15	5	24h	6h	141736	205276	55090	197823	95007	52754	56128	76033	36064	181506	82958	88572	207496	341023
AT2G44650.1;AT3G60210.1	CHL-CPN10, CPN10 - chloroplast chaperonin 10	3.14E-01	1.68	261	4	4	2h	24h	417007	368512	722310	480096	565309	459017	414443	561152	554069	349268	411701	394870	393910	319984
AT5G38480.1;AT5G38480.2	GRF3, RC1 - general regulatory factor 3	3.14E-01	1.43	897	14	8	24h	6h	790092	727040	710832	779321	856166	648968	812463	637665	714744	865808	829316	796039	886699	1180695
AT2G41790.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	3.14E-01	2.42	111	3	3	24h	0h	11617	41949	30293	25538	13157	35956	48675	37855	37283	45524	14657	57144	31699	83192
AT1G22300.1;AT1G22300.2;AT1G22300.3	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	3.14E-01	1.77	981	15	13	24h	4h	1074820	1298196	969595	1546714	1153255	903030	1045960	1015857	987487	1252793	1142474	957292	1341492	2288163
AT5G15650.1;AT3G08900.1;AT5G50750.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	3.15E-01	1.83	1253	22	11	24h	6h	1018524	1550699	1158548	2002845	1329116	1313113	1176226	1355968	1277527	1977990	1442325	1183624	1886377	2737476
AT2G43090.1;AT2G43090.2;AT3G58990.1	Aconitase/3-isopropylmalate dehydratase protein	3.16E-01	1.67	321	7	5	2h	24h	535380	485949	659937	622336	638702	528926	405406	495743	626827	452228	590184	538210	512888	255277
AT5G09900.2;ATS5G09900.1;AT5G09900.3	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	3.16E-01	2.04	223	5	2	24h	4h	103505	221435	154145	210633	143421	118209	148595	168704	153646	224750	124712	155375	218976	313811
AT3G47650.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	3.16E-01	1.51	241	3	3	10h	24h	1497920	1133994	1558245	1113949	1317427	1155563	823841	1095353	1637833	1057195	1348066	1521767	1046219	759613
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	3.17E-01	1.96	435	8	7	2h	24h	417222	371553	684276	450819	597560	488206	408279	572830	592381	342171	409510	558874	371613	208519
AT5G04430.1;ATSG04430.2	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	3.18E-01	1.57	126	3	3	0h	10h	76648	131734	96499	102044	72749	78651	86741	73206	70617	71481	47365	85478	98146	103879
AT5G35620.1	LSP1, EIF(ISO)4E, LSP, EIF4E2, eIFiso4E - Eukaryotic initiation factor 4E protein	3.18E-01	8.30	38	1	1	24h	4h	48814	51984	5220	30053	1409	22439	40742	8953	21618	39309	4955	34809	75214	122821
AT5G62530.1	ALDH12A1, ATP5CDH, P5CDH - aldehyde dehydrogenase 12A1	3.18E-01	1.42	563	10	10	8h	10h	489625	556162	510649	587436	611967	593744	433760	554181	539346	757814	511799	403453	555261	662240
AT3G03250.1	UGP, UGP1, ATUGP1 - UDP-GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1	3.19E-01	1.24	1176	18	3	4h	6h	1021749	942672	1139205	1011107	1189738	1169168	914460	988305	1171963	950142	1171055	1014605	1034692	1120051
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.20E-01	1.55	91	3	3	8h	10h	98823	76674	82150	127133	103532	105097	105617	101973	119734	136181	72196	93112	99376	148370
AT1G47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	3.20E-01	2.23	257	3	3	24h	10h	118295	100272	87280	123148	69107	96513	82577	103330	69357	119285	72297	75957	108313	222505
AT3G47560.2;AT3G47560.1;AT3G47590.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.22E-01	1.45	45	1	1	2h	0h	25210	19506	34073	30630	30046	32597	34782	23021	30726	23948	27499	32535	32739	31658
AT2G25080.1;AT4G31870.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	3.22E-01	1.69	477	9	8	0h	10h	1375385	1287260	1078051	1064953	764861	1015495	1227027	1147677	1262481	1261371	522401	1054941	1255195	744834
AT2G16835.1	Aquaporin-like superfamily protein	3.23E-01	2.16	33	1	1	2h	10h	22204	38141	23213	49311	20374	22760	17998	20686	14523	25639	16551	17030	27806	23646
AT5G64400.2;ATSG64400.1	unknown protein	3.23E-01	10.32	105	3	2	24h	4h	14092	17671	3948	13453	1680	11619	24721	15690	5986	17345	1144	25998	87181	50019
AT2G37760.1;AT2G37760.5	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	3.23E-01	3.93	239	5	5	24h	10h	40183	73154	20269	69772	42233	64981	43166	70111	45524	146577	57144	31699	100948	42330
ATMG00450.1	ORF106B - hypothetical protein	3.23E-01	2.59	23	1	1	2h	10h	477401	454031	473932	564237	225063	529053	469650	484247	267140	306358	105384	294932	139818	432243
AT1G58400.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	3.23E-01	2.25	20	1	1	24h	6h	118362	134264	67185	155120	101591	110681	127517	82196	92529	216591	119677	98482	204086	268719
AT3G04650.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	3.25E-01	9.08	71	2	2	2h	24h	27891	60292	39107	278314	7275	37425	44346	43481	44527	224401	7124	40589	20964	14006
AT1G78680.1	ATGGH2, GGH2 - gamma-glutamyl hydrolase 2	3.25E-01	1.64	172	4	4	2h	24h	406406	222723	372095	427683	281800	396315	232996	289259	313136	342409	325614	378119	255472	231715
AT4G28280.1	ENODL19, AtENODL19 - early nodulin-like protein 19	3.25E-01	1.86	38	1	1	6h	8h	93640	76890	57637	43266	45968	70038	111854	65079	62929	32240	45573	72329	68878	75053
AT5G09660.1;ATSG09660.3	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	3.26E-01	1.14	1526	18	16	0h	10h	31989024	32395387	27116980	30296669	28078562	28749577	29272906	28563200	31381383	31520682	26165692	30560499	28920235	33580607
AT5G21100.1	Plant L-ascorbate oxidase	3.26E-01	2.79	27	1	1	0h	8h	31262	16878	15112	3797	20891	25170	24371	11426	14516	2724	21665	24406	14955	8934
AT3G15690.1	Single hybrid motif superfamily protein	3.26E-01	1.30	32	1	1	24h	8h	141810	121524	117999	114517	138523	121583	113113	116880	94088	114535	138414	132191	113304	158810
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	3.26E-01	1.78	222	3	3	0h	10h	191005	228954	138278	211303	140513	115405	161243	191784	130902	253031	84523	151265	123785	128547
AT1G68620.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.26E-01	125.40	126	2	2	24h	4h	691	378	351	1937	516	384	1151	714	0	4461	3110	1943	30798	82036
AT1G79930.1;AT1G79930.2	HSP91 - heat shock protein 91	3.27E-01	3.48	1357	21	3	24h	2h	42861	87171	20471	80755	61664	61773	77996	67065	25251	90287	72525	36386	162761	189908
AT3G56190.2;ATSG56190.2	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	3.27E-01	2.77	84	2	2	24h	10h	8752	12169	13402	4325	10741	9488	19012	12219	12037	10315	5961	10689	14298	31821
AT1G34420.1	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase family protein	3.28E-01	2.24	44	2	1	6h	24h	26992	12976	18836	9212	21741	17738	31298	17206	13180	9741	19808	16934	7971	13644
AT4G33010.1;AT4G33010.2	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	3.28E-01	1.27	3584	47	22	24h	2h	22223618	20947700	16942105	19164536	20336042

AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	3.29E-01	2.48	32	1	1	6h	10h	20953	22798	15368	14647	16408	17011	18729	30391	20124	20663	7162	12673	21113	5154
AT4G14100.1	transferases, transferring glycosyl groups	3.30E-01	1.70	46	1	1	0h	2h	65871	58240	35594	37347	36230	54065	39858	53926	44200	47413	51151	44881	42946	73645
AT3G63490.1;AT3G63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	3.30E-01	1.56	742	12	12	8h	4h	1633244	2269486	1618044	1279455	1275120	1322894	1661644	1402623	2238351	1806060	2148269	1311511	2088869	1673051
AT4G22380.1;ATSG20160.2	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	3.30E-01	14.66	53	1	1	0h	10h	14264	33479	3923	28118	15277	4365	27225	5573	1786	18847	3257	0	10488	10499
AT1G62750.1	ATSCD1, ATSCO1/CPEF-G, SCD1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	3.30E-01	1.34	2057	29	29	2h	24h	7763055	8588012	10668282	8995472	9394328	8187807	8643496	8406700	10097471	7606755	8060089	8738536	7668297	6959343
AT1G13270.1;AT1G13270.2	MAP1C, MAP1B - methionine aminopeptidase 1B	3.32E-01	2.07	288	5	5	2h	10h	706195	698240	675535	821417	287158	605757	566740	560916	634398	669292	168779	554465	566967	615230
AT5G40950.1	RPL27 - ribosomal protein large subunit 27	3.35E-01	1.86	297	3	3	0h	4h	590282	810586	511089	421827	399982	354147	596469	353427	592924	547073	727353	375422	671736	603048
AT2G23350.1;AT1G22760.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	3.35E-01	4.15	232	5	3	24h	4h	45732	39078	41231	71480	5791	40985	87439	65679	71691	56441	9888	71110	99921	94259
AT4G27585.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	3.35E-01	2.09	23	1	1	10h	2h	1222437	825176	709332	577106	779842	842691	590837	710301	655096	1052043	1876665	808801	594439	751279
AT1G27500.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	3.36E-01	1.79	24	1	1	0h	8h	11164	6083	5465	7287	10120	7029	4320	7123	4492	5126	9187	7212	5096	6906
AT1G72370.1;AT3G04770.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	3.36E-01	1.67	616	10	10	0h	10h	2738873	2469847	2941733	2071555	2138081	1891155	2595103	1848250	2305394	1947408	1326978	1799804	1744634	2675063
AT5G07460.1;ATSG07470.1	PMSR2, ATMSRA2 - peptidemethionine sulfoxide reductase 2	3.37E-01	1.38	58	2	2	4h	6h	164275	138408	150988	159518	139335	184373	97963	137356	145736	157861	146465	119119	136431	124421
AT1G20630.1	CAT1 - catalase 1	3.37E-01	2.24	670	15	3	24h	10h	73076	146020	104982	172435	96817	97187	102395	154946	96135	184868	94570	87805	168156	240110
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	3.37E-01	2.10	211	4	4	8h	24h	83983	74854	80081	129782	92228	123930	51325	107984	105636	145148	61096	85702	42486	77004
AT1G43560.1	Atv2, tv2 - thioredoxin Y2	3.37E-01	2.08	42	1	1	6h	24h	75991	117130	101635	77702	75757	57090	82714	112714	70818	83929	46998	69317	72889	21165
AT1G17720.1	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	3.37E-01	2.24	89	1	1	24h	0h	2941	4245	6342	4111	5952	3335	4125	4792	3980	3589	2413	5184	5967	10123
AT1G01120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	3.39E-01	2.02	209	4	4	24h	4h	117623	254342	142160	117759	133131	109582	243308	139142	274351	186500	217606	137658	220731	270695
AT1G79750.1;AT2G19900.1	ATNADP-ME4, NADP-ME4 - NADP-malic enzyme 4	3.40E-01	2.53	201	4	2	24h	2h	48087	28633	32494	13554	28482	32221	48959	50076	49274	44306	44284	46658	86125	30327
AT1G36390.1	Co-chaperone GrpE family protein	3.40E-01	1.67	99	3	3	2h	24h	57603	56366	63694	69618	72187	53299	59678	42184	48508	46272	64992	59141	54799	24968
AT5G24400.1	EMB2024, PGL3 - Nag8/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	3.41E-01	Infinity	39	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	2805	914	1130	1094	0	1482	3413	5463	0
AT4G12020.2	WRKY19, ATWRKY19, MAPKKK11, MEKK4 - protein kinase family protein	3.41E-01	3.86	22	1	1	24h	2h	128597	100574	32128	53633	30782	71502	82991	45998	37375	99810	61414	110459	77321	253651
AT2G47950.1	unknown protein	3.42E-01	1.82	27	1	1	0h	8h	4590974	2657718	2882676	2031720	2380364	3103105	3043134	4068538	2283317	1709828	3851940	2385939	3245241	3044106
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	3.42E-01	3.91	275	5	1	24h	0h	4922	4988	19340	11541	16598	8295	17372	8715	9616	10521	6999	8775	7612	31128
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	3.42E-01	1.60	200	3	3	0h	8h	81459	78900	78219	67171	55754	52534	55632	60747	52138	48110	34586	67090	38412	67173
AT3G48200.1	unknown protein	3.45E-01	2.18	24	1	1	6h	0h	14320	24094	29581	28796	28906	34010	30778	52988	27706	18391	29173	20121	43264	22238
AT5G22510.1;AT1G22650.1	INV-E, At-A/N-InvE - alkaline/neutral invertase	3.45E-01	1.62	139	4	2	24h	6h	31287	56230	21827	33957	24362	31137	29253	25726	52084	34947	23463	33142	33980	55181
AT5G49120.1;ATSG32980.1;AT3G49110.1	ATPRX34, PRX34, PRXCB, ATPCB, PRX34 - peroxidase CB	3.46E-01	4.48	694	10	10	24h	10h	2544850	3426818	2015338	5114813	1990929	5148635	1728807	3635550	2152612	6837630	2680420	1273994	6410969	11321417
AT2G40140.1	CZF1, ZFAR1, SZF2, ATSZF2 - zinc finger (CCCH-type) family protein	3.46E-01	1.60	22	1	1	0h	24h	160271	152721	155588	106322	140416	114100	143124	155566	169420	101471	127561	108614	101573	94461
AT3G56100.1	MRLK, IMK3 - meristematic receptor-like kinase	3.46E-01	1.71	30	1	1	10h	2h	144635	72061	75336	61348	80654	83784	86822	87408	89030	54049	119485	113930	82907	82756
ATCG00810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	3.46E-01	1.98	320	5	5	24h	4h	233824	352316	251200	223599	233851	196534	274515	209556	205678	317216	307831	224446	306601	546090
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	3.46E-01	2.99	65	2	2	24h	4h	33423	38694	8118	29106	10904	22375	35848	25359	12891	42171	26269	24748	44729	54618
AT5G19740.1	Peptidase M28 family protein	3.46E-01	1.64	20	1	1	4h	24h	126235	66964	87648	84300	94572	110663	94655	82502	60856	64509	54512	83725	77855	47230
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	3.47E-01	1.68	673	8	8	10h	6h	217740639	141826458	199315601	140915076	166900982	149220606	119294754	136273799	214375484	136667245	200852073	227997775	153489952	117706229
AT2G26890.1	GRV2, KAM2 - DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	3.47E-01	10.99	29	1	1	2h	24h	22475	6187	72795	8624	44086	30100	15949	37312	56242	5238	28072	22714	7406	0
AT3G53920.1	SIGC, SIG3 - RNApolymerase sigma-subunit C	3.47E-01	13.95	27	1	1	24h	2h	40598	38034	15232	0	13534	33732	40627	29383	25424	25832	28881	26233	40692	171811
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	3.47E-01	1.20	819	19	13	24h	6h	805563	946294	971337	1041291	988399	867958	857909	877311	953139	962696	820800	1016731	1013273	1068169
AT5G46390.2	Peptidase S41 family protein	3.48E-01	2.64	55	2	1	10h	8h	137206	83138	110744	64573	131491	56033	159935	109773	62142	40949	97123	175356	91041	26039
AT4G01990.1;AT4G31990.3	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	3.48E-01	1.32	838	14	13	2h	24h	1895956	2139285	2113004	2206371	2329435	2050745	2075876	2167736	2381456	1888254	2118717	1934133	1960192	1957930
AT3G09820.1;ATG09820.2	ADK1, ATADK1 - adenosine kinase 1	3.50E-01	1.33	1356	20	9	24h	6h	2732497	2467009	2496221	2820002	2839337	2295567	2246186	2086592	2762227	2596001	2820913	2391060	2575061	3193374
AT1G07320.1;AT1G07320.2	RPL4 - ribosomal protein L4	3.50E-01	3.65	148	3	3	24h	2h	184101	384367	93075	171750	157125	174068	253075	140821	156908	270341	304404	137936	266415	701273
AT2G17840.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	3.50E-01	3.15	35	1	1	6h	10h	6038	2921	1926	2280	1588	3032	7360	2977	1594	2563	808	2469	1657	3351
AT2G32240.1;AT1G05320.1	unknown protein	3.51E-01	14.96	900	16	15	24h	6h	33473	19266	17996	54982	34644	38566	15820	36010	46224	158185	99828	21895	57765	717763
AT2G39780.1	RNS2 - ribonuclease 2	3.52E-01	11.04	27	1	1	24h	10h	12018	26844	3692	28294	2029	9272	6952	11609	4590	40396	1774	4986	20342	54251
AT4G25100.1;AT4G25100.4	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	3.52E-01	1.97	408	4	4	8h	10h	9040662	11015113	6891329	9795623	9189698	9597723	7886864	9819504	8089055	13578077	7374247	8064439	6944553	10178094
AT4G25810.1	XTR6, XTH23 - xyloglucan endotransglycosylase 6	3.53E-01	36.06	120	2	1	24h	4h	0	8577	8610	3836	3429	2154	5816	3671	7751	5724	4014	2003	80088	121227
AT2G43620.1	Chitinase family protein	3.53E-01	3.14	134	2	2	24h	2h	67528	20979	13616	19079	15186	33865	20383	50195	27365	24688	40977	31955	52297	50311
AT5G49980.1	AFB5 - auxin F-box protein 5	3.54E-01	2.84	58	1	1	24h	0h	41394	13808	49064	53019	55576	16058	29035	41373	56673	45155	45089	21201	81502	75290
AT5G12040.1;ATSG12040.2	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase family protein	3.54E-01	1.67	496	8	8	24h	4h	1082323	1274337	944417	1218998	824064	854507	1037046	767692	819654	1209528	975684	943803	1064111	1741198
AT1G17174.1	ATGSTU24, GST_GSTU24 - glutathione S-transferase TAU 24	3.54E-01	2.99	98	3	1	10h	0h	47419	60315	190031	58039	58061	42161	40817	53100	52634	73661	30866	52075	55932	98903
AT5G25460.1;ATSG11420.1	Protein of unknown function, DUF642	3.54E-01	1.87	204	3	3	8h	10h	190201	122117	128088	144785	120815	198376	120663	112490	199680	150867	90120	97064	97148	174543
AT1G29965.1;ATG34480.1;AT3G14600.1	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	3.54E-01	2.72	174	4	4	6h	24h	18399	43316	102201	28671	55506	43022	96699	50654	30472	25473	26071	41281	28423	25699
AT1G26730.1	EXS (ERD1/XPR1/SYG1) family protein	3.55E-01	1.85	22	1	1	24h	10h	58387	74586	45148	63924	73250	42935	78948	49223	49039	59430	56831	48193	77269	116804
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	3.55E-01	1.58	396	7	7	2h	24h	4056740	4133107	4755249	3889212	4208035	3410834	3917768	3569100	3438780	4147619	2979946	3811142	3548832	1920550
AT1G69410.1	ATELFSA-3, ELFSA-3 - eukaryotic elongation factor SA-3	3.55E-01	2.10	394	5	2	24h	10h	96349	106535	66612	115359	50920	89845	84306	92684	76763	123668	42638	82087	108755	153577
AT4G33760.1	tRNA synthetase class II (D, K and N) family protein	3.56E-01	1.72	203	4	3	0h	8h	124353	81372	66144	58513	57073	68836	85274	61775	67505	52235	62711	114345	83784	73412
AT2G20630.1	PIA1 - PP2C induced by AVRRPM1	3.57E-01	1.55	182	4	4	24h	10h	229558	256522	214206	261682	167409	234437	276824	239870	213105	309393	154641	230343	268876	328338
AT3G12800.1	SDRB, DECR - short-chain dehydrogenase-reductase B	3.57E-01	2.49	195	5	5	24h	10h	161560	179855	156383	207283	81511	217992	166755	191692	171661	217013	64756	136856	189832	312292
AT1G17290.1;AT1G72330.1	AlaAT1 - alanine aminotransferas	3.59E-01	1.55	939	16	16	24h	0h	1980100	2406981	2212817	3094626	2144235	2768205	2184171	3138112	2928648	3041900	2742105	2174643	3743115	3059300
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	3.60E-01	1.48	412	7	7	0h	6h	1345396	846566	966914	1036780	797774	818499	809110	671554	935967	641014	928385	1025318	771648	903805
AT3G59990.1	MAP2B - methionine aminopeptidase 2B	3.61E-01	1.73	158	2	2	6h	10h	53135	65757	51772	62188	33597	55385	55582	64677	56430	48510	22927	46660	59430	42301
AT1G77060.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	3.61E-01	1.48	198	4	2	0h	8h	125770	147342	107270	115532	118203	116908	106685	122786	116437	68180	93658	109118	117510	108667
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	3.61E-01	2.57	1917	26	3	8h	0h	20014	30586	72013	37878	41380	67403	34221	85287	53132	76950	57788	38736	45233	26249
AT4G29120.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	3.61E-01	1.48	414	6	6	24h	6h	258341	249344	254426	316777	248724	252785	206880	227975	251514	281141	247117	268867	251518	393913
AT2G37600.1	Ribosomal protein L36e family protein	3.63E-01	3.33	91	2	1	2h	10h	1214	13662	29650	17692	16468	8829	30337	11889	19048	13528	5206	8999	10587	10644
AT2G32680.1	AtRLP23, RLP23 - receptor like protein 23	3.64E-01	17.85	20	1	1	0h	24h	2645	8200	68567	16119	169917	23677	21637	42231	127517	32088	117592	7171	9688	20504
AT4G37300.1	MEE59 - maternal effect embryo arrest 59	3.65E-01	1.37	389	9	9	2h	10h	1014724	820176	1154023	1133144	958159	1058198	801952	971117	1137757	774889	812960	854720	907400	789681
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	3.65E-01	2.69	30	1	1	24h	0h	33529	104683	62423	103530	66612	72026	95516	100320	101582	204566	173589	54367	165148	206366
AT4G34050.1;ATG34050.2	CCoAOMT1 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	3.65E-01	1.41	315	7	7	8h	4h	503921	612267	434744	585662	483148	469643	596340	618070	592405	752839	602294	538468	532374	743101
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	3.65E-01	1.82	141	4	4	6h	24h	5120349	6603555	5495979	6063077	4767114	4864207	4427522	7978866	5384140	6337392	4666400	6389726	4593467	2231357
AT4G02530.1	chloroplast thylakoid lumen protein	3.67E-01	1.41	471	6	6	8h	10h	1705613	1735664	1269037	1617833	1185182	1711035	1217462	1472539	1642794	2044584	1196149	1419772	1949072	1459477
AT3G01120.1	MTO1, CGS, ATCYS1, CGS1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	3.69E-01	1.72	151	4	4	2h	24h	113665	178361	234378	173612	237621	148961	178907	217803	239365	133914	199138	192966	122146	114511
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	3.69E-01	1.24	1295	19	11	24h	10h	4061589	4057941	3304804	4004492	4054087	3555743	4594486	3738903	3882884	4057941	3556403	3378311	4018814	4593960
AT2G26080.1	AtGLDP2, GLDP2 - glycine decarboxylase P-protein 2	3.69E-01	1.41	2623	38	14	24h	2h	3633026	3522785	3414096	3181149	4047790	3133101	3598913	3360522	3877476	3284862	3988422	3794842	3790033	5483010
AT3G18060.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.70E-01	1.27	634	9	9	24h	4h	695046	867612	785798	865261	620798	777498	649358	765515	862718	784710	809998	679480	884768	890539
AT2G28250.1	NCRK - Protein kinase superfamily protein	3.71E-01	2.95	28	1	1	2h	6h	36912	39809	66015	25870	47554	28669	2329	28843	22795	19755	41179	39270	22274	23146
AT4G09320.1	NDPK1 - Nucleoside diphosphate kinase family protein	3.74E-01	1.45	806	8	8	2h	0h	2726857	3007189	3788724	4546582	3829137	3286705	3285926	3478843	2996587	4082987	3234476	3236239	3009415	4187887
AT2G48070.1	RPH1 - resistance to phytophthora 1	3.74E-01	1.19	31	1	1	6h	8h	241692	230868	246143	252257	272033	235524	241855	267743	239298	189838	255413	241559	234044	224789
AT1G07440.1;AT1G07440.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.75E-01	24.84	55	1	1	0h	0h	0	9124	24051	202590	14141	18066	3063	15721	24534	41080	4423	16430	14499	2094
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	3.75E-01	1.54	154	3	3	4h	0h	198644	256662	185180	318042	422082	280980	329278	300500	238201	233955	240105	239177	242635	291774
AT5G25280.1	serine-rich protein-related	3.76E-01	1.70	31	1	1	24h	8h	94419	136717	134524	209287	142068	136800	148624	166314	95630	127712	151467	198240	132567	247209
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	3.77E-01	1.66	454	8	7	2h	24h	286489	302842	466286	309038	368100	302668	273022	289178	449303	250862	374714	321390	228672	238702
AT3G02540.1;ATG02540.2	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	3.78E-01	1.60	283	3	2	8h	0h	44509	43769	77628	55792	80370	56546	43599	71922	86640	54183	54426	51879	50214	41616
AT4G37550.1;ATG37560.1	Acetamidase/Formamidase family protein	3.78E-01	1.31	180	5	5	0h	24h	310427	264937	252071	266768	225802	229031	210141	250743	302621	246685	220941	262349	217939	221542
AT1G66240.1	ATX1, ATATX1 - homolog of anti-oxidant 1	3.79E-01	1.51	122	2	2	8h	10h	846202	656846	835486	1006559	478539	939491	665687	642697	947179	972184	502220	765236	946209	874604
AT5G36240.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	3.79E-01	3.16	23	1	1	6h	10h	882	3535	3993	7333	2293	4075	4487	7329	2214	3306	3317	421	7299	3234
AT1G64190.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	3.81E-01	52.35	807	14	1	6h	8h	8436	22088	65458	0	44900	64216	61936	57016	2272	0	47701	43507	66197	20865
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	3.81E-01	1.93	70	1	1	0h	10h	59837	73329	55184	20994	54035	32926	63254	60997	63022	37864	34227	34883	42210	49445
AT3G44110.1;AT3G44110.2	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	3.81E-01	3.34	106	3	3	24h	0h	5888	13628	17265	13607	8779	14019	31761	14137	9893	24353	3221	17583	25052	40193
AT5G47870.1	unknown protein	3.81E-01	1.75	101	2	2	0h	10h	343018	336180	338201	278928	184516	292835	308836	265658	285836	293047	103432	283630	329535	333709
AT2G21385.1;ATG21385.4	unknown protein	3.84E-01	1.77	182	4	4	2h	24h	170208	141280	206588	162216	146219	145944	124083	140144	208983	136275	88420	148449	140561	67626
AT1G03220.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	3.84E-01	2.32	568	10	6	24h	6h	275601	417581	239137	374267	225841	388453	249380	235117	317391	716325	290207	205357	352839	771940
AT1G04170.1	EIF2 GAMMA - eukaryotic translation initiation factor 2 gamma subunit	3.84E-01	12.18	24	1	1	6h	10h	2559	9986	24657	13124	0	11093	33033	22271	22547	23655	639	3900	22342	28223
AT4G31300.1	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	3.84E-01	2.53	525	8	8	24h	4h	561604	639184	444823	898773	558601	559854	671121	479887	414063	1111521	585891	579515	929956	1902858
AT5G02500.1;AT1G16030.1;AT5G02500.2	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	3.84E-01	1.49	3529	49	19	8h	0h	4472973	5188551	6277824	7622195	7845165	5785523	5849448	7362336	6657588	7731642	8250724	5492634	6650431	6444271
AT5G26820.1	Esterase/lipase/thioesterase family protein	3.85E-01	1.99	22	1	1	0h	4h	289039	317443	142218	216630	119775	185447	224416	175228	167804	248062	147454	288655	196658	151968
AT4G12720.4	NUDT7 - MutT/nudix family protein	3.86E-01	2.93	446	6	6	24h	10h	198389	303332	250920	572384	228986	315887	394193	499927	166949	635584	240993	124898	583888	487276
AT2G04450.1	ATNUDT6, NUDX6, ATNUDX6, NUDT6 - nudix hydrolase homolog 6	3.86E-01	4.34	43	1	1	2h	10h	1641	2141	2410	4116	2463	3406	857	5428	1527	3985	1331	172	2435	1730
AT1G48350.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	3.87E-01	1.43	324	5	5	24h	6h	636466	810232	743508	545351	549962	556498	494774	590701	830341	664911	806798	517677	830020	726891
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	3.88E-01	1.61	664	12	12	24h	4h	934131	1338210	949576	627680	786588	759804	961143	842907	1039971	881446	1269943	737076	1104608	1378886
AT3G51550.1	FER - Malectin/receptor-like protein kinase family protein	3.89E-01	2.57	21	1	1	0h	10h	8950	13342	8226	11815	2534	9661	10644	6575	6156	7872	2933	5750	7037	6875
AT4G30160.1	VLN4, ATVLN4 - villin 4	3.89E-01	6.68	139	3	3	24h	0h	27549	10983	9425	27630	1093	17648	2558	15005	17264	28883	776	15999	51456	60665
AT5G17020.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	3.89E-01	5.35	34	1	1	0h	4h	8774	27563	3282	14364	4225	2561	9646	7989	1677	11377	5263	3498	12079	12135
AT4G00490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	3.89E-01	2.62	255	5	5	0h	4h	81845921	61925900	11830504	53850596	20456933	34371657	50136593	23797849	43799215	59791111	40737831	37777998	50964502	55750535
AT4G25130.1	PMSR4 - peptide met sulfoxide reductase 4	3.89E-01	1.24	420	5	5	2h	24h	1951846	1513975	2036074	1932379	1801712	1954881	1849682	1801259	1742494	1553874	1386466	1828072	1570827	1621422
AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	3.90E-01	2.32	332	5	5	2h	24h	320724	419664	285336	641769	275587	349216	330163	396812	320502	603755	229157	425585	207428	192547
AT1G17810.1	PYD1 - pyrimidine 1	3.90E-01	1.58	363	6	6	8h	10h	611011	524475	371876	525438	342744	533897	395660	598475	647259	597329	424398	364897	497427	371349
AT1G75690.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	3.90E-01	8.64	95	1	1	4h	24h	16313	10535	47534	6164	45546	24706	9790	33027	44776	7545	17031	14621	5334	2793
AT5G62180.1	AtCXE20, CXE20 - carboxyesterase 20	3.90E-01	39202.91	99	1	1	24h	6h	3953	0	1575	2	1412	8	1	0	4673	7	22	250	28317	13238
AT4G32720.1	AtLa1, La1 - La protein 1	3.91E-01	3.33	34	1	1	24h	10h	4822	7796	5633	17576	4415	7983	10456	13283	3941	11408	1789	8702	15354	19564
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	3.91E

AT1G54000.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.93E-01	4.54	64	2	1	24h	4h	3468	18962	5858	16656	2528	15103	27281	23061	3378	16384	19902	10236	51595	28362
AT3G18130.1	RACK1C_AT - receptor for activated C kinase 1C	3.93E-01	2.38	156	5	1	6h	10h	5178	24150	21206	18379	24896	19559	31308	24194	17237	18380	12658	10705	10705	15895
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	3.93E-01	1.57	1323	16	16	24h	6h	7179091	4153851	4670924	4904653	3795043	4457227	4081094	3393637	5024834	4242775	3050720	5052360	5526699	6245371
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	3.94E-01	1.41	1126	20	18	8h	6h	1819238	1679099	1869726	2341266	1702834	1779461	1351303	1650529	1663184	2583383	1704652	1872680	1857693	1811771
AT3G55250.1	unknown protein	3.94E-01	4.99	59	1	1	2h	24h	4545	4673	8830	3512	8196	3363	823	5418	3583	2474	912	3545	238	2235
AT1G15140.1;AT1G15140.2	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	3.94E-01	1.34	396	6	6	0h	2h	2625553	2105015	1826443	1701941	2104082	1936113	2115348	1930109	2416892	1737816	2097599	1744299	1816983	1772981
AT1G10960.1	ATFD1, FD1 - ferredoxin 1	3.95E-01	1.48	204	5	5	10h	6h	7946216	5909561	7018572	9126416	9470875	7244897	6571273	6165755	6186248	8349101	10347485	8506457	7467638	9205788
AT2G38680.1	5'-nucleotidases;magnesium ion binding	3.95E-01	3.16	25	1	1	24h	2h	71040	51185	2610	39731	10558	39600	32009	10775	30699	64876	37472	41647	60831	72932
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	3.96E-01	2.55	29	1	1	2h	0h	7109	8198	13530	25526	12339	11543	6580	18663	16007	14533	10407	11857	12291	4362
AT5G17000.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein	3.98E-01	2.06	425	8	4	24h	6h	121285	109329	60527	150001	95323	149614	93436	109649	125805	200943	130737	102700	155143	264145
AT5G12430.1	TPR16 - Heat shock protein DnaJ with tetratricopeptide repeat	3.98E-01	2.19	23	1	1	2h	24h	411927	275935	626128	356237	487453	355528	285526	433195	581247	289054	374201	344427	261526	187249
AT4G33510.1	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	4.00E-01	5.73	120	3	3	24h	10h	4052	44517	30284	47091	20816	14567	23978	45472	12493	30256	5290	9726	21942	64072
AT5G07970.1	dentin sialophosphoprotein-related	4.01E-01	5.85	27	1	1	24h	2h	19539	30983	1249	15094	7841	13254	19652	9047	8025	26605	9936	11252	17847	77791
AT5G05960.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	4.02E-01	3.74	43	1	1	0h	2h	9309	25932	7098	2317	1944	11459	16441	16480	8477	8036	6656	10291	12118	4551
AT1G48630.1	RACK1B_AT - receptor for activated C kinase 1B	4.02E-01	2.40	155	5	1	2h	24h	22828	43669	86434	47474	51356	41106	46418	26542	42348	38127	24380	39925	39109	16640
AT1G75040.1	PR5, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	4.02E-01	4.80	1044	15	15	2h	10h	3434052	6469771	5362875	19026539	5027039	8420609	5963738	13855049	2573381	9624122	4146531	934622	6428462	8244058
AT5G00840.1	RPL23.1, RPL23 - ribosomal protein L23.1	4.02E-01	2.36	49	2	2	0h	4h	60312	86663	77774	38903	34872	27375	47572	33915	45026	59717	56791	32516	38482	83324
AT1G11660.1	heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	4.02E-01	3.78	39	1	1	24h	0h	1730	5396	5045	12899	4084	6321	6676	6078	4043	10980	7665	6064	7910	19029
AT4G33670.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.03E-01	1.26	198	4	4	0h	6h	265002	273113	177695	271128	221487	223046	224167	201263	270942	250454	247019	225221	250042	267260
AT2G18250.1	ATCOAD, COAD - 4-phosphopantetheine adenylyltransferase	4.03E-01	1.68	48	1	1	24h	10h	48877	43710	38669	61554	44523	38037	26607	49745	40769	49253	27577	35247	56480	49061
AT5G19990.1;AT5G20000.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	4.03E-01	2.03	116	3	3	24h	0h	38477	53809	60396	46327	59309	51031	79288	60005	76396	71322	54271	65403	131983	59050
AT5G57655.2	xylose isomerase family protein	4.04E-01	2.02	185	4	4	24h	2h	103221	99454	35177	74140	55036	87324	70283	82461	43192	97041	68470	64883	88630	132537
AT2G19760.1	PFN1, PRF1 - profilin 1	4.04E-01	1.41	172	3	2	10h	24h	277945	288100	316720	305662	371700	277500	245248	311099	375388	290787	436743	328198	299427	241904
AT5G16400.1	TRXF2, ATF2 - thioredoxin F2	4.04E-01	2.36	84	1	1	0h	24h	17598	13880	17519	6279	11437	9290	13854	9758	10909	6401	9484	11801	7433	5917
AT5G35590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	4.04E-01	1.74	480	10	3	24h	4h	197946	136673	217808	151985	168125	153355	168047	243461	281255	151452	191367	186729	271997	286111
AT5G09430.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.04E-01	3.77	28	1	1	6h	8h	8470	5016	8867	277	13470	7633	12458	10249	4978	1038	9977	12366	11821	6828
AT5G06720.1	Protein phosphatase 2C family protein	4.05E-01	1.91	92	2	2	8h	10h	30176	35753	32673	53483	25206	41540	37416	20280	35072	58886	24935	24313	30076	25443
AT1G63000.1	NRS/ER, UER1 - nucleotide-rhamnose synthase/epimerase-reductase	4.05E-01	1.47	356	8	4	8h	6h	153548	227236	153523	225721	160044	170706	153178	174269	219091	263493	171048	206063	235284	192324
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	4.05E-01	1.17	1190	19	19	0h	6h	4647440	4269401	4222817	4136219	4005646	4003718	3759147	3869081	4365219	3647974	3953800	3994873	3973828	4675521
AT2G35010.1	ATO1, TO1 - thioredoxin O1	4.05E-01	5.67	27	1	1	0h	4h	12368	22026	4142	6807	0	6070	7308	5036	10177	11215	12738	5763	15269	7809
AT1G14980.1	CPN10 - chaperonin 10	4.06E-01	1.16	252	5	5	2h	6h	732726	725867	753765	864782	688341	736408	653117	743221	848620	715688	711762	690884	859303	739464
AT4G28440.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	4.06E-01	1.67	155	3	3	0h	4h	174539	136142	161636	125137	74362	111723	148233	131664	140616	105038	53995	141335	151682	150635
AT3G51020.1	unknown protein	4.06E-01	2.26	25	1	1	2h	24h	15336	15808	14400	19542	13591	16169	16709	15968	17720	7522	4297	15838	6188	8854
AT1G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	4.06E-01	2.63	164	4	3	2h	24h	94354	206253	560300	227417	393144	232394	225020	355300	490280	188275	302504	252716	211209	88163
AT4G08900.1	arginase	4.07E-01	1.54	322	6	2	8h	2h	96547	68899	47672	68838	77186	89227	61211	91174	86272	93295	76438	52487	76266	68634
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	4.07E-01	1.35	1300	21	9	24h	6h	19452539	12533932	15544716	16257072	15207612	17508865	12606608	11632001	14572906	16709845	14393197	13098883	14726193	18080370
AT1G20450.1	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	4.07E-01	2.02	227	4	4	2h	10h	151958	178539	207263	169976	129861	201436	165044	151571	125105	240039	63026	123283	117350	205381
AT5G66760.1;AT2G18450.1	SDH1-1 - succinate dehydrogenase 1-1	4.08E-01	3.94	227	3	3	24h	10h	103241	70658	49870	101943	61069	67436	45777	61334	54892	115866	46210	26391	59227	226817
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	4.08E-01	3.69	148	2	2	24h	4h	26483	39664	26825	30135	19	20340	28868	28623	26341	39713	7298	27698	36319	38801
AT1G51680.1;AT1G51680.3	4CL1, 4CL.1, AT4CL1 - 4-coumarate:CoA ligase 1	4.08E-01	4.75	44	1	1	6h	24h	21524	18286	25905	2781	45310	30244	35391	46146	25993	1395	22145	32604	11980	5201
AT5G47190.1	Ribosomal protein L19 family protein	4.09E-01	1.62	227	3	3	0h	2h	553207	810097	496674	344994	465488	376496	630026	524080	746145	473534	609834	410889	654160	503806
AT1G14400.1	UBC1, ATUBC1 - ubiquitin carrier protein 1	4.09E-01	1.77	27	1	1	24h	10h	97236	122093	91485	174888	95565	121823	87317	76625	95803	149474	94166	62440	167629	109292
AT1G12000.1	Phosphofructokinase family protein	4.11E-01	2.65	287	5	5	2h	6h	732726	725867	753765	864782	688341	736408	653117	743221	848620	715688	711762	690884	859303	739464
AT1G49970.1	CLPR1, NCLP5, NCLP - ClpP endopeptidase proteolytic subunit 1	4.11E-01	3.96	292	4	3	2h	24h	107842	114712	161636	125137	74362	111723	148233	131664	140616	105038	53995	141335	151682	150635
AT3G56970.1	BHLH038, ORG2 - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	4.12E-01	3.66	23	1	1	2h	0h	7089	12514	8888	19393	11513	11448	7375	31347	15544	18024	23507	8725	42397	29366
AT3G62750.1	BGLU8 - beta glucosidase 8	4.13E-01	4.04	24	1	1	0h	24h	5088	4063	3718	3892	3565	1843	3457	4377	2128	1279	2966	2735	2268	0
AT2G24270.4;AT2G24270.1	ALDH11A3 - aldehyde dehydrogenase 11A3	4.13E-01	1.17	1357	22	22	10h	2h	6962426	5986494	6458650	5845704	6620123	6680996	6449730	5900925	6790500	5657292	7149010	7265684	6706065	6392276
AT3G57260.1	BGL2, PR2, BG2, PR-2 - beta-1,3-glucanase 2	4.14E-01	4.60	604	9	9	6h	10h	1852907	4586548	2571388	8872664	2954833	5169442	5002928	8657813	1548786	6896659	2444140	523288	2161594	2504107
AT1G15340.1;AT1G15340.2	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	4.14E-01	4.98	100	3	2	2h	6h	68363	15207	57930	43608	32485	26102	7302	13095	36064	21036	48058	22615	7484	42157
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	4.14E-01	1.91	361	6	6	2h	4h	294753	352716	409087	293625	155002	213771	336928	317873	280713	260603	79692	321715	236644	226253
AT1G07920.1;AT1G07930.2;AT5G60390.2	GTP binding Elongation factor Tu family protein	4.16E-01	1.47	1459	24	24	8h	10h	40926424	45150798	45014142	46993858	26812347	39867278	46542578	43857297	53379615	42527921	21227859	44035372	45329341	43044587
AT1G55490.1;AT1G26230.1;AT5G56500.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	4.16E-01	2.09	2239	29	5	2h	24h	1649468	1389915	3326502	1553029	2720692	1384195	2189706	2015392	1881766	1102478	1896571	2315591	1357894	982167
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	4.17E-01	2.09	357	7	6	24h	2h	114531	421302	214444	303549	306906	344660	331200	393618	344777	486997	376732	341828	624535	457431
AT4G32930.1	unknown protein	4.18E-01	3.61	34	1	1	0h	2h	33715	30707	0	17841	17526	30121	35805	18744	22073	21349	36368	27614	31365	30383
AT1G12850.1	Phosphoglycerate mutase family protein	4.18E-01	6.41	26	1	1	8h	10h	204227	541032	226679	1360013	238042	214586	134286	269559	280126	1579305	139561	150518	347328	600268
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	4.18E-01	2.04	68	1	1	6h	10h	96661	161940	113997	144795	70516	119376	101556	171761	94118	155102	42980	90686	121014	97959
AT3G22890.1;AT4G14680.1;AT5G43780.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	4.19E-01	1.77	1103	20	18	8h	0h	936902	2115696	2040652	1509352	2260512	1725377	2037932	2346549	3070661	2345422	2309454	1930169	2412103	1993469
AT4G14160.1;AT3G23660.1;AT4G14160.3	Sec23/Sec24 protein transport family protein	4.20E-01	3.47	84	2	2	6h	4h	7150	11948	15912	6704	5028	8031	29614	15645	10693	5064	2441	13639	14938	12678
AT1G43170.1;AT1G43170.4;AT1G61580.1	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	4.20E-01	2.49	631	11	11	2h	24h	134481	504471	635581	273509	372234	300986	548404	351306	358526	272643	138368	242273	177769	186983
AT3G13380.1	BRL3 - BRI1-like 3	4.21E-01	4.42	25	1	1	24h	10h	46359	93735	11273	67015	37036	48301	67162	33158	32045	137867	23431	42895	99260	193747
AT1G55120.1	TT5, A11, CFI - Chalcone-flavanone isomerase family protein	4.21E-01	1.50	146	2	2	2h	10h	81090	66402	68663	86890	68256	70149	61979	61236	93645	73562	71011	40546	69340	76098
AT1G17880.1	BTF3, ATBTF3 - basic transcription factor 3	4.21E-01	3.93	158	2	2	6h	10h	11171	42891	28230	54048	1472	29327	63582	47677	36322	46443	2860	25429	24422	61336
AT2G31790.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	4.21E-01	2.48	55	1	1	4h	24h	38225	61296	78363	59524	94228	66420	46759	74255	69435	65209	62055	54531	57377	7367
AT1G32440.1	PKp3 - plastidial pyruvate kinase 3	4.22E-01	7.02	29	1	1	24h	2h	13540	11203	0	4446	690	4197	9808	2334	5356	6418	3232	8432	6089	25124
AT2G03550.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.22E-01	2.56	51	1	1	0h	24h	10617	18908	13515	6414	13270	9699	14951	11183	7096	13228	8534	15713	8155	3368
AT5G63870.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thaliana protein match is: AT1G07807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736;	4.23E-01	4.81	23	1	1	24h	4h	3483	18265	8473	40955	6875	9139	22663	10905	13464	35286	13528	3958	23403	53656
AT5G64650.1	Ribosomal protein L17 family protein	4.23E-01	3.92	26	1	1	24h	2h	206213	172850	9735	91315	21657	131149	140563	29887	61955	123978	90996	140291	217931	178235
AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	4.24E-01	6.35	24	1	1	24h	10h	4598	15612	5871	12207	4182	13530	9186	4698	3792	21836	6235	1654	21037	29046
AT5G47920.1	unknown protein	4.24E-01	2.29	21	1	1	4h	8h	27085	8856	36893	11763	37624	27025	26680	31322	19617	8557	26020	32787	16071	12619
AT5G63860.1	UVR8 - Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	4.26E-01	1.23	327	5	5	10h	8h	313058	249854	319806	317795	353576	275327	294959	253307	249784	273207	322921	320484	309045	269299
AT5G52310.1;ATSG52300.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein	4.26E-01	1.82	1678	25	24	4h	24h	3269443	1630747	2882365	1502130	2498062	3014881	2018688	1802370	2651025	2616868	2221083	1825420	1630997	1397295
AT4G18480.1	CHL1, CH42, CH-42, CHLI-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.26E-01	1.48	771	14	5	6h	24h	577302	697558	623529	711773	571663	759808	652744	708598	509311	579844	698228	568178	387792	536156
AT4G33680.1	AGD2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	4.27E-01	1.20	825	12	12	2h	6h	2932158	2677467	2784252	3100426	2896272	2393366	2479170	2430863	2664114	2464709	2522109	2735689	2399481	2758246
AT5G27850.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	4.27E-01	2.83	202	4	1	6h	24h	15158	97516	127641	99354	91722	65694	160747	79951	57957	88929	52931	72864	48268	36730
AT2G05710.1	ACO3 - aconitase 3	4.28E-01	1.39	1735	31	19	24h	10h	2623938	2861513	2543249	3463315	2589281	3075960	2371414	3298276	2900291	3481600	2742083	2366878	3572897	3550394
AT1G32470.1	Single hybrid motif superfamily protein	4.28E-01	1.46	698	11	4	10h	6h	7103329	4770203	7179077	6227655	6443933	6355907	4149823	5306970	7559298	5324460	7320677	6523955	6381687	5252441
AT1G74910.1;AT1G74910.3;AT2G04650.1	ADP-glucose pyrophosphorylase family protein	4.29E-01	1.15	247	7	7	8h	6h	710616	784682	841292	786062	744998	756013	688496	752406	922540	739493	702310	784083	823282	831431
AT5G09260.1	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LE8 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	4.29E-01	5.83	73	2	2	0h	10h	30550	58654	14975	43587	9934	50723	6977	45670	24673	29202	8103	7193	43783	31982
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	4.29E-01	1.88	523	10	9	2h	4h	2392805	2248326	2292082	2467869	622197	1911442	2034460	1947497	1912531	2062914	1050250	2155859	1984593	1665606
AT4G29670.2;AT4G29670.1	ACHT2 - atypical CYS HIS rich thioredoxin 2	4.31E-01	2.15	67	2	2	0h	24h	105844	96939	95352	68958	78277	60544	84020	105106	99481	51320	35918	82593	68992	25296
AT1G49660.1	AtCXE5, CXE5 - carboxyesterase 5	4.32E-01	5.76	71	1	1	10h	2h	1785	8160	3595	2807	4094	7878	1633	6775	7887	5449	6729	30141	6494	11801
AT5G13370.1;ATSG13350.1	Auxin-responsive GH3 family protein	4.32E-01	2.63	69	2	1	24h	10h	11270	15196	8005	14259	11757	12896	11251	14240	9388	12965	11448	6956	12983	35392
AT5G18170.1;AT4G29710.1	GDH1 - glutamate dehydrogenase 1	4.32E-01	1.59	363	7	4	24h	10h	388842	316614	348547	458667	277405	432512	283468	394962	343927	350448	341138	305454	416398	309852
AT1G08110.4;AT1G08110.1	lactoylglutathione lyase family protein / glyoxalase I family protein	4.33E-01	1.41	209	5	5	0h	24h	403706	295519	340741	342367	334669	300010	287138	323823	331895	202340	332384	340000	287380	208507
AT1G70730.1;AT1G70730.2;AT1G70730.3	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	4.34E-01	1.70	1399	26	16	10h	0h	753555	1355816	1655487	1340627	1661438	1590717	1461941	1409466	1818909	1424218	1631617	1945918	1852242	1031174
AT1G36160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	4.34E-01	1.98	144	3	2	24h	0h	9261	25871	22318	26690	32882	25647	25546	22766	17275	32259	32037	31669	28060	41617
AT5G08410.1	FTRA2 - ferredoxin/thioredoxin reductase subunit A (variable subunit) 2	4.34E-01	2.77	29	1	1	2h	24h	26935	29243	11127	45459	24650	24696	22005	19612	19651	33062	19610	31186	16518	3905
AT1G70410.1;AT1G23730.1	ATBCA4, BCA4, CA4 - beta carbonic anhydrase 4	4.34E-01	1.21	467	7	7	24h	4h	731242	757575	664836	779429	789156	615810	776727	717591	824822	744365	749620	689859	841673	862834
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	4.35E-01	1.43	2321	30	29	2h	24h	11851354	12161933	16203563	13436920	14515082	9407563	12684710	11236123	12818195	10701221	11412385	11486183	10868296	9879124
AT3G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	4.35E-01	1.38	759	12	8	8h	6h	2360358	2304844	1552945	2279243	1594083	2263060	1879108	1579891	2179395	2587567	2048005	1901465	2004958	2193043
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine- tRNA ligase, putative	4.35E-01	1.57	128	3	3	2h	6h	89816	97281	118827	132716	97434	99385	84644	75117	101548	118961	75166	112451	76022	130398
AT1G28600.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	4.36E-01	3.71	91	2	2	6h	10h	1538	14328	687	11956	10002	13190	13590	26523	13915	24342	3176	7642	13823	18966
AT1G21670.1	unknown protein	4.36E-01	1.73	194	5	5	2h	6h	395085	255930	477067	217813	214782	276442	189337	212377	193645	210961	217981	243670	261442	216395
AT5G63000.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17/Tim22/Tim23 family protein	4.37E-01	4.00	24	1	1	10h	8h	104272	8140	45111	33312	88423	71327	52773	57448	22349	21864	58184	118594	26530	26023
AT3G44890.1	RPL9 - ribosomal protein L9	4.37E-01	1.42	521	9	9	0h	4h	893895	1325060	946132	731728	781615	775936	805285	822979	1122893	915537	1108613	677110	1064705	1138969
AT4G26555.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	4.39E-01	2.03	39	1	1	0h	4h	50944	37708	12953	36388	15435	28181	37666	23542	23805	31254	22140	29567	36247	40014
AT2G17930.1	Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein with FAT domain	4.39E-01	1.97	25	1	1	10h	24h	120135	52228	77713	66397	89262	80204	54623	80792	75448	53429	96469	106848	65118	38263
AT5G66040.1;ATSG66040.2	STR16 - sulfurtransferase protein 16	4.39E-01	2.00	135	3	3	0h	6h	263690	281157	125194	193462	65494	219543	156310	116036	179200	246890	100903	179408	175457	259255
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	4.39E-01	1.35	1606	25	23	2h	6h	1873803	2470068	2367488	2448768	1947132	2281194	1742500	1825586	1935220	1920148	1552104	2173375	2573526	1936075
AT5G52880.1	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	4.39E-01	1.28	1386	18	2	24h	6h	574199	475087	647516	539385	530320	572012	499304	568274	578942	501830	554498	682797	444345	599312
AT1G12270.1	Hop1 - stress-inducible protein, putative	4.39E-01	1.47	129	2	2	24h	10h	95799	127384	81763	135700	127332	112116	105692	129453	113754	111878	88800	76118	130179	111692
AT3G03980.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.40E-01	3.78	36	1	1	24h	0h	5754	0	10431	1455	8662	7042	7862	8278	9445	8708	9281	8317	11224	10525
AT1G48830.1	Ribosomal protein S7e family protein	4.40E-01	2.18	105	2	2	2h	24h	19260	44497	73491	37458	43665	40101	56157	34897	45475	37715	33283	39670	31144	19693
AT1G55805.1	BolA-like family protein	4.41E-01	3.09	29	1	1	2h	24h	31902	22769	64726	15339	38832	34764	25311	38482	30201	12698	29507	31613	17888	7985
AT5G25980.2;ATSG25980.1	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	4.42E-01	1.40	2594	31	29	0h	6h	23300849	23212353	15267223	25776325	18204463	18518270	15558327	17775869	18967356	21156030	16963168	18120148	21947314	19679023
AT1G65130.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase-related protein	4.42E-01	3.69	21	1	1	10h	6h	16743	4434	11835	8528	5395	12079	0	6879	8213	5650	12273	13144	11066	9515
AT1G05560.1	UGT1, UGT75B1 - UDP-glucosyltransferase 75B1	4.43E-01	1.33	126	3	3	8h	2h	37893	41924	35031	30545	50047	35960	41804	43229	50505	36836	39418	36414	43631	40859
AT2G37070.1	unknown protein	4.43E-01	1.41	29	1	1	2h	24h	39699	57934	54128	66285	65948	52956	49763	54959	63011	41474	48590	37454	43878	41229
AT4G18440.1	L-Aspart

AT5G39830.1	DEGP8, DEG8 - Trypsin family protein with PDZ domain	4.45E-01	1.28	155	3	3	24h	2h	284893	241568	248535	176719	241272	196928	237256	236804	245854	204218	238619	213187	263585	279129
AT5G20080.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	4.45E-01	1.22	329	7	7	24h	6h	438464	497302	461980	508093	444607	533118	415808	476464	533696	492498	491636	421342	580986	509736
AT3G06610.1	DNA-binding enhancer protein-related	4.46E-01	3.65	64	1	1	8h	10h	6662	12259	14006	5647	6182	11489	6182	18317	16682	7845	0	6724	9357	5757
AT2G05380.2	GRP35 - glycine-rich protein 3 short isoform	4.48E-01	76.19	57	1	1	24h	10h	4059	1604	19	4481	0	4872	2731	1100	2388	6105	0	304	14215	8920
AT5G60600.1;ATSG60600.2;ATSG60600.3	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	4.48E-01	1.34	890	17	17	2h	24h	945413	1265379	1655108	1175368	1594673	1171072	1356101	1229759	1376845	1130439	1384523	1435241	1067403	1044058
AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	4.48E-01	1.56	158	3	3	2h	24h	76288	122229	126772	151610	131327	88818	102043	99461	129393	108074	100433	83451	108015	70572
AT3G20790.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.49E-01	2.02	78	2	2	4h	24h	27778	17472	20010	17094	26920	30738	6885	21920	26195	15112	22165	23600	10030	18449
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	4.49E-01	2.03	495	8	7	10h	24h	867992	610517	601618	560776	429393	508881	577069	460435	583434	425533	432509	1145287	435827	340183
AT4G17330.1	ATG2484-1; G2484-1 - G2484-1 protein	4.49E-01	4.25	33	1	1	6h	24h	4284	15764	19548	2899	35021	14545	41161	31359	14990	21639	41043	7649	9097	7961
AT4G28750.1	PSAE-1 - Photosystem I reaction centre subunit IV / PsaE protein	4.50E-01	2.66	163	4	3	0h	10h	1496247	1169986	1215836	1257290	562030	1288721	913666	1360252	814776	813521	227274	774790	349617	1292488
AT5G38530.1	TSBtype2 - tryptophan synthase beta type 2	4.51E-01	Infinity	24	1	1	0h	8h	0	22003	2896	0	0	5634	7620	2455	0	0	7375	1032	1739	10297
AT4G02110.1	transcription coactivators	4.51E-01	90.93	46	2	1	24h	2h	404	0	0	189	590	160	3449	852	2454	619	589	0	266	16895
AT5G42740.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	4.51E-01	1.22	528	10	10	24h	0h	731717	740282	878497	702817	891588	798850	744463	742190	879102	719119	856339	765635	853405	946079
AT3G56670.1	unknown protein	4.52E-01	2.33	26	1	1	2h	0h	1551	3795	4546	7922	4873	2365	3940	3178	4242	4719	2236	4027	3309	4851
AT1G60000.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	4.52E-01	7.28	78	1	1	0h	24h	9213	26696	1521	20806	17974	2510	4565	8362	5430	18440	4934	17234	0	4934
AT3G62030.2;AT3G62030.1	ROC4 - rotamase CYP 4	4.53E-01	1.34	1445	20	20	0h	4h	51829202	37936387	35322224	37789694	33910404	33191318	35696031	35222573	48296628	34899651	40504868	36748752	37563410	41817463
AT3G60370.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	4.53E-01	5.21	35	1	1	8h	4h	4168	12955	1953	18545	1133	3096	12125	7067	8644	13393	486	6708	8645	8726
AT1G32200.1	ATS1, ACT1 - phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	4.53E-01	1.31	404	10	10	0h	24h	955939	864725	952090	721189	756254	689581	676587	739677	879666	613057	759126	809176	657281	729817
AT5G52880.1	F-box family protein	4.54E-01	1.55	24	1	1	8h	4h	105127	195988	136493	89282	101128	124064	127003	103082	199816	148168	167180	136346	169345	136818
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	4.57E-01	2.53	22	1	1	24h	2h	84498	67898	58182	11300	76561	61224	75952	72060	62557	26183	66058	80084	130492	45211
AT1G60710.1;AT1G60680.1;AT1G60730.2	ATB2 - NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.58E-01	1.25	422	11	6	24h	6h	297456	295429	218471	276680	244172	272632	260096	224712	280224	249386	258666	290305	262515	344347
AT3G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYRE-F) (UMPS)	4.59E-01	1.44	439	6	5	8h	10h	208604	263480	265477	199400	234163	154210	219104	241931	231757	302742	184436	185557	219017	309908
AT5G64140.1	RPS28 - ribosomal protein S28	4.59E-01	2.09	41	1	1	6h	24h	51538	68996	102023	59443	72226	47897	100453	83000	95378	47286	25606	66726	54687	33140
AT4G36020.1	CSDP1 - cold shock domain protein 1	4.60E-01	2.75	138	3	3	24h	10h	39173	38424	60453	53395	15255	57376	41576	76347	63023	56282	7019	52989	69389	95643
AT1G12050.1	fumarylacetoacetase, putative	4.60E-01	1.20	133	4	4	0h	10h	224639	226831	190244	229293	185199	237633	205502	173375	214835	223717	191262	184456	208625	218227
AT3G06145.1	unknown protein; Has 15 Blast hits to 15 proteins in 7 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	4.61E-01	8.06	25	1	1	2h	24h	1783	3019	28474	1778	15255	10714	4052	22511	16340	634	9329	6646	3754	0
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	4.61E-01	1.38	1303	23	23	2h	24h	2704317	3502866	4404937	3418600	3929922	3474461	3370386	3598175	3904483	3088455	3405882	3664551	3323026	2322603
AT1G21720.1;AT1G77440.1	PBC1 - proteasome beta subunit C1	4.62E-01	1.60	280	3	3	24h	10h	169884	271329	207837	276162	240167	197511	201032	266389	237198	224271	197416	208396	263240	387405
AT5G19220.1;AT1G27680.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	4.62E-01	1.15	1670	23	22	0h	6h	6361654	5224829	5428284	5094737	5380064	5503921	5002903	5078538	5993668	5084465	5826299	5700224	5678297	5860929
AT3G05180.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	4.62E-01	2.14	78	2	2	0h	24h	18938	12829	6447	12065	15671	10757	14876	10502	8140	15693	18690	9245	7428	7391
AT2G42150.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	4.63E-01	3.27	25	1	1	2h	8h	12691	12182	54530	7733	32950	22935	33411	25927	12823	6200	19381	32409	20252	7095
AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family protein	4.63E-01	1.40	126	1	1	0h	4h	343360	539529	513448	361297	336313	295008	288142	383100	414228	437818	427593	344225	459354	412000
AT3G26060.2	ATPRX Q - Thioredoxin superfamily protein	4.64E-01	3.01	1197	19	6	24h	4h	1732671	1144848	658074	917046	197982	929968	1359076	670277	918025	1087842	190962	1228423	1401191	1992504
AT2G29100.1	ATGLR2.9, GLR2.9 - glutamate receptor 2.9	4.64E-01	1.89	24	1	1	6h	24h	216080	307611	229547	207862	298585	156885	254929	287204	200470	202230	331346	195325	202900	84192
AT3G04480.1	endoribonucleases	4.65E-01	2.74	29	1	1	2h	0h	1317	5444	5185	13348	5645	6075	6917	8218	3906	9539	8654	4115	8372	9810
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	4.65E-01	2.42	330	5	3	24h	0h	41380	63529	71463	178098	88274	67167	74482	84718	72698	89821	62880	53854	65087	188328
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	4.66E-01	1.47	886	14	13	2h	24h	3261420	3058847	4137052	3313589	3646138	2871604	2828633	3189081	4090969	2626569	3211561	3135030	2750023	2323419
AT1G16220.1	Protein phosphatase 2C family protein	4.67E-01	1.30	25	1	1	0h	8h	1020854	782264	789325	649562	711273	683682	687642	801056	781937	608941	813663	776510	795668	698488
AT1G70810.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	4.67E-01	6.35	32	1	1	24h	10h	5896	11483	2184	28298	5631	11890	7057	7997	8386	8636	3906	1994	16378	21106
AT4G34090.2	unknown protein	4.68E-01	3.16	26	1	1	0h	6h	5021	3337	1856	2544	3912	3057	0	2644	3223	4171	2105	3609	3463	1202
AT2G34470.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	4.69E-01	2.03	99	2	2	24h	4h	32498	45411	25879	46996	26919	39361	51387	31520	32047	53501	27282	46162	56709	77684
AT1G47200.1	WPP2 - WPP domain protein 2	4.69E-01	68.80	59	1	1	24h	4h	2415	2692	2	1166	27	861	2937	828	0	1577	1393	0	10751	50400
AT4G26840.1	SUM1, SUMO 1, SUMO1, ATSUMO1 - small ubiquitin-like modifier 1	4.70E-01	1.51	199	4	2	8h	10h	100365	119952	110779	114265	98753	93636	86135	129391	133999	95248	54710	97174	97622	86137
AT1G55101.1	ATPURM, PURS - phosphoribosylformylglycinamidine cyclo-ligase, chloroplast / phosphoribosyl-aminoimidazol	4.70E-01	1.62	288	4	4	24h	10h	200561	202905	190963	243738	152432	181662	146327	224646	191764	235018	140147	169473	182177	320198
AT1G20810.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	4.70E-01	1.50	23	1	1	2h	4h	136800	158513	184965	165971	98780	134576	140514	165634	170829	165111	90898	161793	164854	107282
AT3G02850.1	SKOR - STELAR K+ outward rectifier	4.71E-01	1.79	26	1	1	2h	10h	68315	83794	80439	134215	79140	99852	112151	72186	98283	85797	53703	66503	104783	65261
AT1G09620.1	ATP binding;leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-tRNA ligas	4.71E-01	1.45	433	7	7	24h	4h	356315	486645	408796	542008	457151	351779	475225	406432	388861	550877	403944	475393	599359	577324
AT1G44050.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	4.72E-01	4.05	22	1	1	6h	2h	23243	29514	15951	0	28449	31253	32608	32007	21377	806	28689	11071	18933	10628
AT1G47800.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	4.73E-01	20.17	92	2	2	24h	10h	3540	15291	627	22579	2484	9672	4513	6962	2030	21058	846	6801	30324	123897
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	4.73E-01	2.61	130	2	2	2h	24h	188615	148236	255556	122665	92555	84480	130814	194436	223991	108402	48538	167655	122311	22354
AT2G17630.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	4.74E-01	1.59	237	5	1	4h	24h	43536	34328	37307	44769	50600	33580	41722	23825	27928	35582	31098	29913	32444	20358
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.74E-01	1.74	262	4	3	24h	0h	170215	264592	272472	249146	278137	205058	247017	237078	197143	277690	256702	246646	268579	489004
AT5G59450.1	GRAS family transcription factor	4.75E-01	2.24	31	1	1	8h	4h	21055	17349	14399	36668	7863	17002	16060	19301	18015	37608	18934	10333	21987	28729
AT3G48090.1	EDS1, ATEDS1 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.76E-01	2.96	101	2	2	6h	8h	2152	5782	1757	4191	791	4863	7306	8834	1072	4380	3591	2741	10490	4283
AT1G20225.1	Thioredoxin superfamily protein	4.77E-01	1.36	214	3	3	0h	10h	306280	279502	186222	295649	199571	240749	229075	252983	246210	252575	225703	205461	240858	267060
AT2G26740.1;ATG26750.1;AT4G15955.1	ATSEH, SEH - soluble epoxide hydrolase	4.78E-01	1.60	168	3	3	10h	0h	113070	62311	117399	155465	83438	138831	106492	131616	144464	108755	129147	152033	122825	151975
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	4.79E-01	2.04	186	5	5	0h	10h	531208	628950	450649	623688	209038	454758	411369	427345	402532	522827	107421	462291	420002	409925
AT3G05560.1	Ribosomal L22e protein family	4.79E-01	2.62	66	2	2	2h	24h	18617	46789	119848	45830	76798	51712	98032	46927	71516	36967	35069	60246	45507	17823
AT1G13440.1;AT1G13440.2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	4.79E-01	1.30	2125	32	4	6h	2h	3586943	4831626	2854632	3717696	3475802	3623005	4418764	4097846	3286954	3659126	3173482	4378856	4118634	3998922
AT1G10760.1;AT4G24450.1	SEX1, SDP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	4.80E-01	1.65	869	16	16	2h	24h	451697	977672	824554	960309	815895	611248	793078	839378	681597	758358	477616	689801	566924	517302
AT4G29360.1;ATG19830.1	SMF7.1 - SMF7 family protein	4.81E-01	3.16	174	3	3	24h	10h	85051	124147	60292	138221	17761	119461	135378	124295	86880	115380	6952	87801	171259	102759
AT3G59890.1;ATZG44040.1;AT3G59890.2	Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	4.81E-01	3.35	47	1	1	8h	10h	37911	46698	19188	76627	31552	46137	22887	35924	39729	110224	23851	20945	52307	45756
AT2G26210.1	Ankyrin repeat family protein	4.84E-01	2.33	112	1	1	2h	0h	11999	7582	19447	26179	8229	22573	22692	13851	16589	13235	8974	18548	19985	16905
AT2G21470.1;AT2G21470.2	SAE2, ATSAE2, EMB2764 - SUMO-activating enzyme 2	4.84E-01	3.02	55	1	1	24h	8h	2021	1963	2225	1429	2161	1670	2416	1888	1924	1264	2011	1939	1972	7645
AT3G53990.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.84E-01	2.57	28	1	1	6h	24h	14271	15738	31613	30000	23141	24821	12419	52255	25150	30455	19529	15231	21363	3763
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	4.85E-01	2.25	22	1	1	8h	0h	73021	66107	119331	173221	192350	104017	91798	115378	98190	214318	189898	80092	123965	129849
AT1G75330.1	OTC - ornithine carbamoyltransferase	4.85E-01	1.56	273	5	5	24h	10h	293338	212677	180742	304665	249537	176626	213625	164021	225403	241195	175670	177346	232425	318588
AT4G00570.1	NAD-ME2 - NAD-dependent malic enzyme 2	4.85E-01	1.65	376	8	7	24h	2h	180796	83304	138637	99382	187564	180879	140460	199069	161379	81079	166851	166820	227849	165782
AT3G25400.1	unknown protein	4.85E-01	44.44	23	1	1	24h	8h	1184	1029	311	2145	1504	250	2360	1595	633	610	1396	859	1159	54108
AT5G56030.2;ATSG52640.1;ATSG56000.1;ATSG	HSP81-2 - heat shock protein 81-2	4.86E-01	10.40	531	10	10	24h	10h	33359	141164	235001	174543	126778	62828	780335	112223	191339	214388	64072	39572	69643	1008736
AT1G66130.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.86E-01	1.32	181	3	3	0h	6h	267124	213196	185346	182239	213915	207403	192234	172314	194152	208105	194999	197270	155517	235440
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.87E-01	15.39	107	3	2	8h	10h	18272	9697	38102	2388	1049	20303	20336	29317	5748	24318	5748	1166	23880	141
AT4G00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	4.88E-01	1.51	343	6	6	24h	4h	1142866	1387329	1276378	753173	984195	996293	1057580	1227820	1368717	1141323	1490503	925409	1561913	1437654
AT3G11940.1;AT2G37270.1	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	4.88E-01	2.03	295	4	4	8h	0h	36554	179386	236522	164527	243866	137775	232253	161897	206199	231210	157819	142955	156245	102379
AT1G31170.1	ATSRX, SRX - sulfiredoxin	4.89E-01	3.15	36	1	1	0h	10h	20978	20119	10132	15328	1922	12800	13748	7641	10132	20276	1184	11849	9127	8121
AT1G20020.1;AT1G20020.2	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	4.89E-01	1.37	1663	24	21	24h	2h	7770465	7163268	5092165	7484935	6518671	7237491	6483976	6827842	6646567	7651468	6491427	7709299	7486362	9806679
AT5G12950.1;ATSG12960.1	Putative glycosyl hydrolase of unknown function (DUF1680)	4.89E-01	2.20	148	3	3	0h	4h	15056	18537	13470	7759	5135	10115	18120	7869	14269	12847	14470	7895	12440	11504
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	4.90E-01	1.58	323	4	3	0h	4h	322394	448447	288568	389040	280327	206816	316250	272863	246577	326482	172040	327567	285904	223345
AT2G18380.1	GATA20 - GATA transcription factor 20	4.90E-01	1.32	29	1	1	0h	24h	793062	691337	684297	455166	820158	660928	725816	713840	672364	483464	668297	733677	685116	440834
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.91E-01	1.56	258	3	3	8h	10h	124619	96911	101697	141962	96626	134304	78927	125732	154404	161759	85516	117223	131992	100643
AT5G50950.1;ATSG50950.2;ATSG50950.3	FUM2 - FUMARASE 2	4.91E-01	1.53	899	14	7	8h	2h	481354	815245	494328	473587	483305	752793	493403	698218	803542	674947	702869	730997	528128	540184
AT5G44460.1;ATG20780.1	CML43 - calmodulin like 43	4.92E-01	Infinity	33	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5970
AT1G52300.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	4.92E-01	Infinity	39	1	1	0h	4h	0	0	0	0	0	0	5679	0	0	0	0	0	0	0
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	4.92E-01	1.82	167	3	3	8h	4h	604146	697700	471648	853554	497623	504809	586681	457534	646325	1180975	780410	416923	695412	984573
AT1G11750.1;AT1G11750.2	CLPP6, NCLPP1, NCLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	4.93E-01	1.61	125	3	3	0h	24h	55589	71093	71626	40985	66214	53060	70801	53980	52817	45728	58245	54774	51132	27638
AT3G46000.1	ADF2 - actin depolymerizing factor 2	4.93E-01	3.53	276	4	2	24h	4h	72797	15119	77260	27324	27202	59305	32855	56579	83809	13536	59746	59314	139268	166263
AT1G20260.1;AT1G76030.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	4.94E-01	1.34	1532	22	3	24h	10h	501748	429243	398933	463711	401768	433178	344468	479404	465071	422996	423134	325302	464281	542000
AT4G20360.1	ATRABB0, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	4.94E-01	1.46	2214	30	29	8h	0h	13798560	21885409	20784755	23779852	19772921	21169573	22725465	18692667	24184458	27793981	14978368	22194339	21405412	16449460
AT1G27130.1;AT1G27140.1	ATGSTU13, GSTU2, GSTU13 - glutathione S-transferase tau 13	4.95E-01	1.60	252	5	4	24h	4h	319074	227197	205380	242733	184220	231708	235003	237358	394000	213753	343040	221273	322817	343713
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	4.96E-01	3.46	63	1	1	0h	24h	7554	18084	6963	14335	10830	4744	13708	5989	7124	7021	4084	12256	3945	3467
AT5G59540.1;ATSG43440.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.96E-01	4.53	98	2	1	24h	4h	0	12286	4852	10163	9131	2430	15882	17511	6326	12696	14856	15744	12071	40336
AT1G67700.3;AT1G67700.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; EX	4.97E-01	2.99	222	4	4	0h	4h	296457	219019	218443	288894	18727	153879	188151	239065	184863	151159	12698	244088	83405	90357
AT5G65690.1	PCK2, PEPCK - phosphoenolpyruvate carboxykinase 2	4.97E-01	2.35	22	1	1	0h	2h	8138	6146	4209	1866	3536	5539	5701	4435	5503	2169	7242	3476	5093	4054
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	4.98E-01	3.62	658	10	10	0h	24h	1104361	437977	482902	438560	218867	577727	500317	391552	430728	372673	139838	572124	288618	137746
AT2G39190.2	ATHAB - Protein kinase superfamily protein	4.99E-01	6.95	24	1	1	6h	10h	1245	17234	18931	4785	0	5638	19557	15314	11163	3518	0	5020	6295	19004
AT5G54940.1	Translation initiation factor SUI1 family protein	4.99E-01	2.78	50	2	1	6h	0h	461	2808	3433	2265	3691	4826	5641	3431	3115	4866	1730	4921	1905	5221
AT1G26400.1	FAD-binding Berberine family protein	5.00E-01	1.82	208	4	1	24h	4h	32778	33679	26064	41433	24315	28579	23709	45971	27655	40335	28921	36297	51495	44768
AT3G53560.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.00E-01	2.01	133	3	2	8h	10h	8080	18582	15029	14203	14616	7227	16317	17385	26228	15744	9802	11087	11650	21663
AT4G08760.1	unknown protein	5.01E-01	1.46	22	1	1	10h	24h	3349482	2702259	3892954	2836073	3289409	3377217	2781317	2739660	4136142	2640003	3969213	3894441	3233602	2155001
AT3G55660.1	ATROPGEF6, ROPGEF6 - ROP (rho of plants) guanine nucleotide exchange factor 6	5.01E-01	3.27	21	1	1	0h	24h	19718	9308	12247	6303	9644	4402	6961	2597	20720	4325	8266	12231	5946	2941
AT4G31570.1	unknown protein	5.01E-01	8.14	30	1	1	6h	10h	6342	7625	1550	9734	6223	8587	46022	5678	8217	3020	3792	2563	2601	4558
AT2G33255.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	5.02E-01	2.51	32	1	1	0h	2h	33976	21292	22000	0	17519	13534	17408	21807	32507	14035	19133	21722	24404	23507
AT5G20720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	5.03E-01	1.18	1031	12	12	2h	24h	24081190	20771871	25903901	23004052	24745577	22997007	20164828	21461734	26150626	20995419	23559737	19593355	20535551	20887129
AT5G12890.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	5.04E-01	5.95	21	1	1	6h	2h	4794	5859	4234	944	8828	13269	10395	20423	9698	777	13867	8611	7613	0
AT2G27710.1;AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein family	5.04E-01	3.82	273	4	2	6h	10h	3701	84685	113388	59113	66955	37434	141412	72907	59951	60230	22744	33350	31712	33427
AT2G19750.1	Ribosomal protein S30 family protein	5.04E-01	2.45	37	1	1	2h	0h	17731	64535	133651	67933	66341	49093	79754	48890	97363	61430	48050	66287	65864	35785
AT2G37790.1;AT2G37770.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	5.05E-01	3.09	65	2	2	0h	24h	43129	32327	51694	8256	30737	31648	11090	31783	23993	40417	38522	33052	13843	10604
AT5G11580.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	5.05E-01	1.47	100	2	2	4h	10h	17024	19360	16838	19647	19729	17197	11834	21454	18765	14487	11262	13829	10293	16560
AT5G04740.1;ATSG04740.2	ACT domain-containing protein	5.05E-01	2.02	112	2	2	2h	24h	28051	27547	47552	29629	34451	21725	20690	30736	35114	27008	16066	31843	24817	13330
AT5G37830.1	OXP1 - oxoprolinase 1	5.05E-01	1.88	97	2	2	24h	4h	34834	80824	34594	64914	35061	38681	52429	50860	47285	67164	43518	33092	78897	59710
AT5G47030.1	ATPase, F1 complex, delta/epsilon subunit	5.05E-01	1.72

AT1G05350.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.06E-01	1.90	97	2	2	24h	2h	23285	26665	22823	9440	22643	23800	20967	27321	22332	24351	19464	24190	21615	39592
AT3G48420.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	5.06E-01	1.27	808	13	13	10h	24h	3648952	2591191	3357465	2927458	3134059	3118611	2629253	2637580	3220062	2501040	3546433	2795333	2583176	2405919
AT5G63620.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	5.06E-01	2.01	24	1	1	6h	10h	2813	5397	2828	7119	4876	5358	6661	6381	2275	5038	3998	2482	4980	7830
AT5G19440.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.06E-01	2.08	221	4	4	24h	10h	74413	115104	71071	114767	78884	106089	80220	91629	56268	139749	93017	66424	131618	199752
AT5G11680.1	unknown protein	5.07E-01	3.08	60	1	1	0h	8h	4898	4955	3874	4253	3536	2096	0	3319	278	2923	2031	4268	3361	4889
AT1G31910.2;AT1G31910.1	GHMP kinase family protein	5.07E-01	6.05	31	1	1	24h	4h	4847	17852	3691	16204	5040	7840	12759	7805	3567	19830	10856	8904	19205	58752
AT5G63310.1	NDPK2, NDPK1A, NDPK IA IA, NDPK IA, ATNDPK2 - nucleoside diphosphate kinase 2	5.08E-01	1.33	298	8	8	0h	24h	1893763	1334884	1648906	1456791	1744339	1394987	1463464	1298425	1314593	1302896	1585534	1194291	1303446	1126785
AT5G57850.1	D-aminoacid aminotransferase-like PLP-dependent enzymes superfamily protein	5.08E-01	1.47	345	8	6	0h	4h	615719	636446	347973	614216	413150	441008	518148	407370	383186	550406	470697	442733	498827	718146
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	5.08E-01	1.27	723	10	10	10h	24h	710184	772520	817775	849678	893933	703582	781243	747507	857271	636860	808260	888702	726528	611327
AT2G17390.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing 2B	5.09E-01	1.17	602	10	5	24h	0h	439681	444823	462214	470249	477898	465777	397981	510447	513476	516462	523569	430433	533570	500458
AT3G24030.1	hydroxyethylthiazole kinase family protein	5.09E-01	3.19	29	1	1	4h	8h	5353	6345	7179	6469	8513	6910	0	5081	4	4832	6109	6495	6235	8354
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	5.09E-01	1.52	458	9	8	0h	24h	621449	663925	748609	536637	583757	425211	674421	471513	671038	407221	384617	546395	442416	402193
AT4G34215.1	Domain of unknown function (DUF303)	5.10E-01	3.02	37	1	1	8h	24h	13138	5647	7322	17395	12305	8465	8662	4512	19836	8837	11651	8424	9085	406
AT1G01080.1;AT1G01080.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.11E-01	2.57	176	4	4	8h	10h	414988	439504	336876	823776	203637	389053	377726	364617	359669	988833	155938	369199	345115	417231
AT5G01600.1	ATFER1, FER1 - ferretin 1	5.11E-01	2.07	148	3	3	24h	10h	77608	120163	53671	106384	59798	72176	65089	117568	61512	131800	58783	45150	89671	125428
AT1G08200.1	AXS2 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	5.11E-01	1.23	914	13	5	2h	6h	319627	439914	431218	481518	417458	381805	383251	359612	378676	450375	413253	408215	380074	371471
AT5G22830.1	ATMGT10, GMN10, MGT10, MRS2-11 - magnesium (Mg) transporter 10	5.11E-01	2.64	32	1	1	0h	24h	3440	9766	4017	5858	5471	5499	2498	5322	6341	5197	3735	2285	4642	365
AT4G15510.1;AT4G15510.2	Photosystem II reaction center PsbP family protein	5.11E-01	1.59	145	3	3	24h	6h	142866	87324	93654	92042	78105	108818	81087	77024	113977	67854	75710	101839	116218	135887
AT3G52200.1;AT3G52200.2	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	5.12E-01	2.42	75	1	1	4h	6h	29012	38813	35007	57401	56810	40372	653	39563	22705	44322	34031	38041	44113	36948
AT1G14130.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.12E-01	26.45	32	1	1	24h	0h	2616	2084	3237	5560	2392	3307	4551	892	2311	5446	3012	6295	3377	120942
AT3G26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	5.13E-01	3.54	28	1	1	8h	24h	57920	44878	72312	21116	25702	43692	43179	44928	36653	98593	20877	57226	27582	10644
AT1G19570.1;ATG19550.1;AT1G19570.2	DHAR1, ATDHAR1, DHAR5 - dehydroascorbate reductase	5.13E-01	2.06	934	11	11	0h	24h	9358397	9709218	5156216	8774629	5168857	9288480	4269006	10048483	6838925	10843594	6631949	4965765	4007840	5258785
AT1G79340.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	5.14E-01	2.17	154	2	2	0h	4h	16983	28613	7179	16358	6849	14179	13908	7505	10511	24529	9014	14448	18123	15995
AT4G04770.1;ATSG44316.1	ATABC1, LAF6, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	5.14E-01	2.86	97	3	2	0h	24h	15868	42685	20790	21296	20591	19213	24192	15473	29924	10981	13173	16655	15513	4925
AT4G00620.1	Amino acid dehydrogenase family protein	5.14E-01	1.38	120	2	2	6h	10h	78850	86630	76179	78417	85426	81487	83311	100501	60139	92480	62170	71382	84533	68318
AT5G39320.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	5.14E-01	2.40	346	8	1	10h	0h	11983	18933	24968	43175	47627	22706	29471	18775	12318	36178	31639	42616	20601	36979
AT5G11930.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	5.15E-01	2.78	123	2	2	0h	8h	96697	107522	70583	24450	28297	78738	54149	74359	52721	20863	12474	66702	76559	70296
AT5G24530.1	DMR6 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.15E-01	3.95	151	3	3	24h	10h	10838	20399	11007	31023	9974	26267	45561	39342	15048	45050	26796	111	82096	24065
AT1G50480.1;AT2G12280.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	5.15E-01	1.60	768	16	16	10h	0h	555602	1126533	1100549	985301	1201005	1285977	1237895	1331152	1443168	971802	1365658	1331254	1234086	488650
AT3G02730.1	TRXF1, ATF1 - thioredoxin F-type 1	5.15E-01	1.63	297	5	5	2h	24h	1137674	883135	1208459	865538	865629	995866	876279	841094	1043278	745546	636522	1103324	780311	488441
AT3G08690.1;AT1G64230.1;AT4G27960.2;AT5G	UBC11, ATUBC11 - ubiquitin-conjugating enzyme 11	5.15E-01	2.44	62	2	2	24h	4h	28776	69870	25054	74862	34048	24376	72319	64462	36358	93105	45908	34027	72645	69831
AT5G55160.1;AT5G55160.2	SUM2, SUMO 2, SUMO2, ATSUMO2 - small ubiquitin-like modifier 2	5.15E-01	1.47	128	3	3	24h	10h	44338	61666	48305	59502	49493	53768	47791	68653	60126	56576	43348	50793	58431	80345
AT4G35310.1	CPK5, ATCPK5 - calmodulin-domain protein kinase 5	5.16E-01	2.63	27	1	1	6h	24h	14598	25736	16593	17874	22974	14355	31693	23642	11286	20099	11988	23864	18093	2936
AT3G61440.1;AT3G61440.2	ATCYSC1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	5.16E-01	1.35	659	13	12	10h	0h	1933747	1928421	2250041	1694039	2040541	2147525	1921756	2375958	2863340	1791351	2303086	2903743	2666997	2440590
AT3G21220.1	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEKK5, MEK5 - MAP kinase kinase 5	5.17E-01	55.31	36	1	1	24h	0h	2446	0	8690	0	3570	209	2290	4969	1939	1464	1555	899	27010	108277
AT1G53580.1;AT1G53580.2	GLX2-3, ETHE1, GLY3 - glyoxalase II 3	5.17E-01	1.45	207	5	5	4h	6h	681222	632087	662590	542589	752401	735641	398906	693001	613988	749918	681541	456200	469257	554292
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	5.17E-01	2.82	166	3	2	6h	8h	30825	26745	35468	34930	19887	43148	36348	53700	19485	12461	1644	34543	27146	19016
AT1G33120.1;AT4G10450.1	Ribosomal protein L6 family	5.17E-01	2.14	262	6	6	2h	24h	85473	378053	545634	316301	223802	529566	282798	365554	306156	176121	248297	142586	159347
AT1G62660.1	Glycosyl hydrolases family 32 protein	5.18E-01	1.70	250	4	3	8h	24h	250857	290117	168513	270403	169584	282049	137870	265348	250048	303060	218548	169359	142582	182098
AT4G14190.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	5.19E-01	4.26	47	2	1	24h	4h	21312	32295	2349	19864	5196	11513	9893	8302	112	18946	11560	12782	29341	41787
AT1G77090.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	5.19E-01	1.69	281	4	4	24h	6h	327192	249125	193894	272689	130138	259411	209801	162982	239830	300644	131946	256116	237333	391433
AT5G22060.1	AT\2, J2 - DNAJ homologue 2	5.20E-01	13.13	26	1	1	24h	2h	565	787	367	246	76	1298	0	1237	959	898	312	644	3999	4049
AT1G13900.1	Purple acid phosphatases superfamily protein	5.20E-01	1.70	42	1	1	6h	0h	15488	8674	12228	23153	12592	16163	19115	22064	20921	14004	15137	12359	13957	14428
AT5G35100.1;ATG35100.2	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	5.20E-01	1.65	161	4	4	24h	24h	481409	208092	307818	234746	321203	368751	271417	239286	259254	211840	275474	304470	223436	195481
AT1G32990.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	5.20E-01	1.52	289	6	6	0h	4h	1592635	1564930	1542882	973232	844306	1232390	1110102	1246627	1946758	1199462	1270811	1090594	1552757	1151224
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	5.21E-01	2.29	112	1	1	24h	6h	28325	21857	20317	10349	39615	16755	2	28718	26414	19731	30211	32272	36116	29762
AT2G14610.1	PR1, PR 1, ATPR1 - pathogenesis-related gene 1	5.22E-01	6.91	248	5	5	2h	10h	579913	1304382	543201	3801254	446967	1108569	1189070	1710183	277810	1626959	433384	195031	1040663	1159280
AT3G07720.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	5.23E-01	1.98	336	5	5	24h	10h	167402	262026	155171	313020	213512	222157	181015	269054	195993	366246	206232	140409	310156	377770
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	5.23E-01	2.99	329	6	5	24h	10h	75823	260052	87488	172243	126202	62333	130971	151134	69679	136562	40327	72164	120452	96792
AT4G18040.1	EIF4E, CUM1, AT.EIF4E1, eIF4E1 - eukaryotic translation initiation factor 4E	5.24E-01	2.34	52	1	1	24h	10h	6851	11703	8285	13628	5206	8745	5906	10417	7789	9868	2159	8677	9285	16065
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	5.24E-01	1.50	1122	20	10	8h	0h	289068	576578	578474	438407	536306	561648	515720	580700	552363	747912	605371	608414	711622	547318
AT2G28760.1	UXS6 - UDP-XYL synthase 6	5.24E-01	139.93	305	7	1	24h	8h	12144	0	17958	0	5873	3966	14137	3676	1445	0	3353	12855	90828	111428
AT1G80380.2;AT1G80380.3	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.24E-01	1.24	1004	17	16	2h	6h	6499808	5606440	5148018	7045781	5162981	4998002	5178054	4678948	5332395	6544931	4579794	5446708	5211783	6979511
AT4G26500.1	EMB1374, CPSUFE, ATSUFE, SUFE1 - chloroplast sulfur E	5.25E-01	6.42	48	1	1	4h	24h	2152	22162	8318	23942	34590	10315	18763	18243	0	13087	10426	14405	5919	1074
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase II	5.25E-01	1.46	917	21	20	24h	10h	537615	818359	606503	825849	563582	685806	681158	774101	620227	894059	593850	628369	819027	967180
AT1G22840.1;ATG22840.2;AT4G10040.1	CYTC-1, ATCYTC-A - CYTOCHROME C-1	5.26E-01	1.90	182	4	4	8h	10h	325337	230823	300204	324675	84712	302274	245967	304421	366494	301970	67750	283314	334000	328036
AT2G19520.1	FVE, ACG1, MSI4, NFC4, NFC04, ATMSI4 - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.27E-01	3.05	31	1	1	24h	6h	6420	4673	6442	4491	1738	4224	46	3771	5693	2830	451	5572	4655	6993
AT3G11830.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	5.28E-01	2.58	322	6	6	24h	4h	135079	349966	105825	233396	126277	165625	278024	150294	136264	269696	145167	175495	267125	484918
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	5.28E-01	1.33	2602	41	38	24h	10h	8769468	7861062	7175834	9269794	7531295	7751208	6404909	7803398	8007716	9010999	8190249	5583233	8077334	10306555
AT3G44720.1;ATG08250.1;AT1G11790.1;AT3G	ADT4 - arogenate dehydratase 4	5.28E-01	5.52	28	1	1	24h	0h	1823	726	4256	946	3369	4260	2727	1976	3596	0	1504	4215	7796	6272
AT2G44760.1	Domain of unknown function (DUF3598)	5.29E-01	1.91	153	2	2	0h	10h	82125	101930	49772	132747	52621	64525	70892	71723	64042	88256	34249	61875	59150	74299
AT3G12490.1	ATCYSB, ATCYS6, CYSB - cystatin B	5.30E-01	1.56	321	6	6	8h	24h	474193	397403	520664	327971	405601	528251	419948	554611	570275	449743	373805	379885	424921	230963
AT1G49670.1;AT1G49670.2	NQR - ARP protein (REF)	5.30E-01	2.98	109	2	2	24h	10h	17442	44157	14563	19348	8172	35851	22127	29746	20089	25372	2412	19325	23051	41833
AT1G43670.1	Inositol monophosphatase family protein	5.31E-01	1.17	1427	19	18	0h	6h	4035346	4213326	3527074	3943391	3788142	3463949	3700590	3373908	3736108	3670284	3740206	4147704	3542492	4441230
AT1G56500.1	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	5.32E-01	1.28	313	4	4	0h	24h	466686	452172	332615	466554	464373	407309	354507	369105	298344	430081	424999	487244	298607	420862
AT1G02340.1	BGAL2 - beta-galactosidase 2	5.32E-01	1.75	269	5	4	0h	24h	252517	150182	147862	237874	165687	170063	151195	91683	112738	240826	154264	224001	106922	123556
AT2G39020.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	5.33E-01	1.87	26	1	1	4h	24h	4778	10552	12787	12328	14232	11666	7411	8041	14654	10693	6195	9800	11881	1942
AT5G66090.1	unknown protein	5.33E-01	2.23	23	1	1	2h	24h	29166	17319	37013	16869	29927	19868	24549	23134	10646	21339	10747	24380	17275	6925
AT1G62200.1	Major facilitator superfamily protein	5.33E-01	2.07	21	1	1	24h	2h	328418	304986	363406	149853	291796	308249	203083	428583	423245	194722	566398	325565	587825	475247
AT4G17260.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	5.33E-01	1.67	20	1	1	4h	0h	11318	15288	15100	25704	26192	18209	14189	18008	11648	18277	16647	11818	18400	12007
AT5G14660.1	PDF1B, DEF2, ATDEF2 - peptide deformylase 1B	5.33E-01	2.14	105	2	2	6h	24h	94181	123981	99690	91528	30444	84360	89334	132419	109733	79658	14213	103426	70989	32613
AT2G27720.1;AT2G27720.3	60S acidic ribosomal protein family	5.33E-01	9.67	328	5	3	6h	24h	0	37014	119409	17558	58004	19200	106705	43857	11728	19497	4600	14150	10288	5274
AT3G58860.1	F-box/RNI-like superfamily protein	5.34E-01	25.96	26	1	1	24h	4h	24941	51402	0	26229	1596	2389	29026	2231	6318	48505	5452	8454	30642	72802
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	5.35E-01	1.91	405	5	5	24h	10h	1007460	909251	841716	864957	674377	747489	868510	841644	846991	866565	597543	765194	720472	1887574
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	5.35E-01	1.59	1896	23	19	24h	10h	13055741	7426959	7822446	8985278	7764064	7389097	6233709	7754077	8132852	8135114	7597063	5637227	7528478	13558480
AT4G27440.1;ATSG54190.1	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	5.35E-01	4.25	208	6	6	2h	24h	164802	192474	299010	161173	70559	144150	204928	164459	141993	84333	9370	227264	58501	49719
AT3G47660.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	5.35E-01	1.47	22	1	1	24h	0h	178105	142108	185120	169743	174830	187221	195312	133036	173876	162731	195967	126418	191412	280074
AT4G23170.1;AT4G23150.1	EP1, CRK9 - receptor-like protein kinase-related family protein	5.36E-01	1.81	186	3	2	24h	10h	232347	222946	191101	282765	169488	242511	174353	205759	168910	246433	224167	93502	334152	641751
AT1G03170.1	Protein of unknown function (DUF3049)	5.36E-01	1.96	23	1	1	2h	10h	79996	117594	169764	99245	49330	111058	85216	167085	147746	113762	37723	99329	137121	98372
AT4G19410.1;AT4G19410.2	Pectinacetylesterase family protein	5.37E-01	2.48	730	13	8	2h	10h	1461507	1231865	600723	2323253	515107	1104020	1276815	826898	903830	1894103	367889	811117	782842	548685
AT1G63610.1	unknown protein	5.38E-01	2.07	27	1	1	24h	10h	19605	35385	37814	39775	30104	39976	32637	41764	24061	45948	24261	27270	33011	73573
AT3G55330.1	PPL1 - PsbP-like protein 1	5.38E-01	1.42	546	8	8	0h	4h	2022312	1583225	1684731	1834820	1038319	1494955	1611132	1636957	1703615	1765434	823059	1790646	1563401	998904
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	5.38E-01	1.47	467	10	10	8h	24h	1108992	877732	1244170	996595	1078773	1102304	870521	1052273	1423693	848901	983681	1089055	906552	641515
AT1G09130.1;ATLG09130.3	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	5.39E-01	1.14	279	6	5	2h	6h	1067692	921211	982399	1016310	937032	1005221	846332	903541	996545	810773	871955	942063	1043745	931309
AT2G31750.1	UGT74D1 - UDP-glucosyl transferase 74D1	5.39E-01	1.87	115	2	1	24h	6h	56501	65296	40100	60253	31899	54031	36053	41605	36077	76394	64846	34704	72361	72625
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	5.39E-01	1.70	281	7	2	24h	0h	21743	12847	14552	27701	23673	28596	18930	35559	24909	22579	22703	15946	28288	30647
AT4G23730.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	5.40E-01	3.86	34	1	1	24h	10h	6370	7244	4213	11287	4684	9826	5016	6888	3256	14867	4307	3375	9820	19828
AT4G29010.1	AIM1 - Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	5.40E-01	2.32	525	12	10	24h	10h	246796	424292	267420	558906	165069	347295	269698	307813	215435	594841	144892	240517	403487	490434
AT2G17870.1	ATCSP3, CSP3 - cold shock domain protein 3	5.41E-01	1.94	166	4	4	24h	4h	113874	103577	119744	57348	41165	105903	127359	128282	107268	81781	49964	123634	149336	135970
AT4G09670.1	Oxidoreductase family protein	5.41E-01	1.17	487	9	9	10h	6h	664983	607414	673739	677578	661895	622963	654906	537429	618260	607617	731753	659922	593402	701005
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	5.42E-01	1.20	602	11	8	8h	24h	943349	1086373	1054348	1201482	1036030	1127140	999264	1320017	1256716	1064092	972049	1055725	966427	966254
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	5.43E-01	1.28	108	3	3	6h	4h	225788	200885	203483	190348	178682	182749	188536	273931	258779	186074	222542	238984	204120	159698
AT3G62940.1;AT3G62940.2	Cysteine proteinases superfamily protein	5.43E-01	2.37	50	1	1	8h	10h	19746	10405	6775	10247	2418	13499	14192	22706	24324	12615	906	14657	12639	18783
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	5.44E-01	2.42	25	1	1	24h	2h	2634	3883	1830	1349	4326	1357	3476	3810	2301	2834	4332	2005	2590	5114
AT2G24060.1	Translation initiation factor 3 protein	5.44E-01	4.23	60	1	1	0h	4h	38777	108099	26025	64850	5287	29419	62449	29431	22378	55725	1922	50575	54019	60717
AT5G42300.1	UBL5 - ubiquitin-like protein 5	5.44E-01	35.04	56	1	1	24h	2h	669	4014	244	861	0	1547	1278	163	848	4331	0	3496	9456	29253
AT5G53850.2	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	5.46E-01	5.66	85	2	2	24h	6h	22931	18800	0	26474	7508	10543	8223	5806	19011	26319	15616	15892	26724	52736
AT5G64050.1	ATERS, OVA3, ERS - glutamate tRNA synthetase	5.46E-01	2.56	210	3	3	2h	24h	78491	151151	245333	112356	150939	107478	123980	171759	190850	73826	134468	155904	107914	31978
AT2G47910.2;ATG47910.1	CRR6 - chlororespiratory reduction 6	5.47E-01	1.54	107	2	2	2h	8h	45848	43651	39055	62644	58219	39738	40407	38371	36463	43874	39258	26953	29194	44758
AT5G43940.1;AT5G43940.2	HOT5, ADH2, GSNOR, ATGSNOR1, PAR2 - GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	5.48E-01	1.16	1154	15	15	8h	6h	7818806	6938123	7454323	8052736	7170216	7653082	6098784	7331586	7915685	7615290	8121113	7100606	7478843	6537934
AT1G02790.1	PGA4 - polygalacturonase 4	5.48E-01	3.73	44	2	1	8h	10h	67293	45670	65464	5884	30490	51817	31159	75082	161888	61490	27804	32039	38782	57098
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	5.48E-01	1.65	298	6	6	2h	24h	147573	154106	188261	293723	191027	151563	201102	137464	160913	170557	113529	199209	172021	119594
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	5.48E-01	1.41	166	4	4	8h	6h	132943	151393	117262	153161	149881	122279	119383	117965	165144	169312	169294	104227	143257	164799
AT2G25840.1;AT2G25840.3	OVA4 - Nucleotidylyl transferase superfamily protein	5.50E-01	1.50	229	6	6	24h	6h	342734	241796	277972	325842	266983	271313	226900	252688	222040	327423	268685	351098	300964	420722
AT1G59900.1	AT-E1 ALPHA, E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase complex E1 alpha subunit	5.50E-01	1.39	502	9	5	24h	10h	324668	665735	506838	630541	459919	581482	573009	659014	656957	632036	490312	439281	676082	620524
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	5.50E-01	2.27	428	7	5	2h	24h	179161	347226	784052	289719	487970	311408	482007	358481	525029	236550	197279	300723	286573	186489
AT1G23740.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	5.51E-01	1.26	1137	18	18	10h	24h	7660361	5210234	6719133	5748434	6507766	6355660	5709434	5390496	6637544	5850043	7166372	5989722	5317153	5120057
AT4G17300.1	NS1, OVA8, ATNS1 - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	5.51E-01	1.56	232	4	4	24h	6h	218358	220455	153864	222316	189817	172518	203707	122022	193927	224344	189217	173313	190915	317919
AT2G29290.2;AT2G29290.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.52E-01	1.39	218	3	3	0h	4h	135325	164028	104696	118701	106308	108880	137

AT5G66530.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	5.52E-01	1.26	560	10	10	0h	10h	1509224	1175008	1345464	1298091	1287629	1199295	1012913	1233911	1279986	1235471	1199895	926146	1288681	921759
ATCG00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	5.52E-01	1.53	678	11	11	24h	4h	1806538	2976358	2288939	1806450	1765471	1717367	2116499	1693354	2121193	2330196	2570840	1563725	2538240	2780188
AT4G02300.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	5.53E-01	9.27	44	2	1	24h	10h	11989	20183	30367	17674	20096	7132	15872	17269	22220	18719	7224	8960	11183	13847
AT5G37600.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	5.53E-01	2.17	1195	18	3	24h	4h	168398	372591	238285	641871	215402	312056	355674	615792	314322	660972	443296	184009	587736	559339
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	5.53E-01	1.31	1081	13	3	0h	6h	2941625	2523312	2436003	2791279	2410045	2399171	2132405	2051399	2425654	2717356	1933554	2719014	2609150	1788504
AT4G30310.2;AT4G30310.1	FGGY family of carbohydrate kinase	5.53E-01	1.35	319	7	7	2h	4h	141990	158990	155005	225857	148567	133503	133544	153370	141202	239497	169227	171427	141221	151058
AT5G11560.1	catalytics	5.53E-01	2.02	41	2	1	24h	2h	66982	66420	9346	64352	28139	50532	59726	28848	42569	57423	53314	75049	75932	72793
AT4G39640.1	GGT1 - gamma-glutamyl transpeptidase 1	5.54E-01	3.95	52	1	1	24h	10h	7908	16031	4748	16056	3585	13755	5899	18433	11497	25134	2677	8749	13292	31863
AT5G36230.1;AT1G65220.1	ARM repeat superfamily protein	5.54E-01	2.21	59	2	2	6h	8h	4633	11108	5826	5740	5184	6804	11619	7603	3903	4792	1623	7910	8013	7497
AT3G48990.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	5.55E-01	1.64	551	10	10	24h	2h	1183863	1436679	881003	1232249	837563	1392068	1036854	1108132	1059844	1802219	1125179	1568136	1365251	2107005
ATCG00790.1;ATCG28830.1	RPL16 - ribosomal protein L16	5.55E-01	1.63	96	2	2	24h	4h	294101	501925	389790	248460	265960	292787	406391	332262	486530	377214	365370	326778	566406	342513
AT2G35810.1	unknown protein	5.55E-01	3.65	78	2	2	4h	8h	137772	30106	137200	42227	118075	95614	50385	94326	44009	14560	58865	149057	77187	2718
AT3G02770.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	5.56E-01	2.66	86	2	2	4h	0h	5664	13676	25308	23269	28239	23144	14678	13599	6115	19696	15869	12842	36513	7300
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	5.56E-01	3.11	207	4	2	2h	24h	34853	182309	363497	108370	240287	146642	239126	199115	257434	91929	96885	135333	132386	19336
AT3G21790.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	5.56E-01	2.08	52	1	1	6h	10h	13582	24456	10864	21215	17822	14808	20196	24791	18197	21744	10870	10808	10082	24911
AT4G05390.1	ATRFNR1, RFNR1 - root FNR 1	5.58E-01	2.25	41	1	1	24h	10h	70297	55831	27525	87446	30398	60183	29694	45579	30911	63532	36800	27023	71824	71861
AT1G60550.1	ECHID, DHNS - enoyl-CoA hydratase/isomerase D	5.61E-01	1.73	132	3	3	8h	10h	115633	121580	116243	128145	61692	127576	106759	126602	125837	149606	42163	117353	100286	109289
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	5.62E-01	1.93	72	2	2	6h	0h	39099	38917	67423	47140	58650	71183	88871	61953	55394	82918	41361	91881	42819	73630
AT3G25920.1	RPL15 - ribosomal protein L15	5.62E-01	1.61	595	7	7	24h	4h	501705	742357	619120	346611	405004	415930	500563	450795	750350	489324	705506	411615	676217	642524
AT5G63890.2	ATHDH, HISN8, HDH - histidinol dehydrogenase	5.65E-01	1.22	632	10	10	0h	8h	750900	755109	619315	803426	783106	683739	664184	725757	532757	698616	743571	761042	685956	710591
AT3G06245.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	5.65E-01	2.28	118	2	2	6h	24h	50880	166068	255660	107064	190642	121047	227099	169739	179503	87515	97934	117108	106111	67713
AT4G08390.1;AT2G18140.1;AT4G08390.3;AT4G	SAPX - stromal ascorbate peroxidase	5.66E-01	1.28	1058	13	11	4h	6h	4483070	3135652	3203334	3189708	3790727	3922881	2914441	3121680	3369545	2883190	4335228	3036083	3602419	3178072
AT4G35760.1	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)s	5.66E-01	2.12	21	1	1	6h	2h	41871	24575	43084	11324	54713	17408	59598	55703	28886	39501	24788	36797	58650	47680
AT2G28190.1	CSD2, CZSOD2 - copper/zinc superoxide dismutase 2	5.67E-01	3.38	753	10	10	10h	6h	4660301	1891506	3480484	3034877	2288850	3052582	1152770	3320383	2759631	2412502	3321846	11778311	5086667	2354714
AT5G54380.1	THE1 - protein kinase family protein	5.67E-01	Infinity	22	1	1	24h	2h	303	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	34770
AT3G62410.1	CP12-2, CP12 - CP12 domain-containing protein 2	5.69E-01	1.36	529	5	5	0h	24h	10458152	12305598	8916367	9673129	9041904	8945945	10392345	8799880	8262188	10469648	7491106	10124677	9815090	6921413
AT1G79450.2	AUS5 - ALA-interacting subunit 5	5.69E-01	1.73	21	1	1	4h	24h	128374	77785	104298	91543	102575	109011	77303	131614	128892	73561	111565	71469	73530	48924
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	5.70E-01	1.51	742	13	13	8h	4h	1032051	1490100	1211339	961957	987663	971047	1113457	1013793	1709624	1251820	1475766	911142	1604905	1123593
AT5G23310.1	FSD3 - Fe superoxide dismutase 3	5.70E-01	2.19	32	1	1	2h	10h	21140	24504	45976	18693	33189	19975	24991	28056	34777	16369	15905	13628	13835	22768
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	5.70E-01	1.63	546	7	6	6h	0h	166217	339802	411411	382845	328341	390988	378990	444118	392238	398153	305696	382876	545666	262242
AT5G63420.1	emb2746 - RNA-metabolising metallo-beta-lactamase family protein	5.71E-01	5.44	57	2	1	8h	4h	1455	2556	2699	705	0	1731	2841	2625	4838	4588	0	2664	775	2221
AT1G10630.1	ATARFA1F, ARFA1F - ADP-ribosylation factor A1F	5.71E-01	1.84	376	8	4	4h	4h	89551	98851	115064	105346	54056	106779	62298	119761	104451	136417	95951	128342	191946	103780
AT3G20820.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	5.71E-01	6.92	46	1	1	0h	8h	49180	15635	12577	0	1625	15597	22746	11258	9371	0	5344	36124	13472	3649
AT2G25490.1	EBF1, FBL6 - EIN3-binding F box protein 1	5.71E-01	12.08	29	1	1	24h	4h	8001	14303	26	14270	758	5359	10820	1933	1835	19298	6841	7825	22127	51766
AT1G23140.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	5.72E-01	1.75	21	1	1	24h	8h	7034	5506	5666	5212	6135	6803	1031	6735	3776	3836	5871	4777	5546	7775
AT3G20970.1;AT1G51390.1;AT3G20970.2	NFU4, ATNFU2 - NFU domain protein 4	5.72E-01	1.50	237	4	4	24h	2h	74107	74027	57463	81234	66251	99104	88293	85622	62098	97967	76816	102318	94630	113106
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	5.72E-01	1.19	2073	27	27	10h	4h	16652659	20283263	17186133	20234893	18667700	17300465	18934243	18188239	19043377	19721276	19346030	23336892	19459099	20668400
AT1G16210.1	unknown protein	5.73E-01	2.96	51	1	1	24h	4h	5471	3286	2201	2902	378	3836	7626	3146	2544	2331	430	4834	4888	7604
AT2G29960.1	CYP5, ATCYP5, CYP19-4 - cyclophilin 5	5.73E-01	2.24	67	2	1	2h	4h	9340	11185	10851	32096	5862	13349	11270	9972	15402	17881	7242	14090	14439	9188
AT5G46180.1	DELTA-OAT - ornithine-delta-aminotransferase	5.74E-01	3.44	43	1	1	4h	6h	1698	3586	1771	3886	8424	4590	45	3734	0	4929	5907	3492	5346	7509
AT3G46440.1	UXS5 - UDP-XYL synthase 5	5.74E-01	2.20	369	10	2	24h	4h	55501	110958	53084	99179	36960	59718	70784	68066	37994	96491	73570	41293	100795	112025
AT1G67430.1;AT1G27400.1	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	5.75E-01	1.96	75	1	1	2h	10h	44957	100221	154484	80046	91875	59461	145099	84634	113221	64755	62723	57022	77103	78088
AT3G53180.1	glutamate-ammonia ligases;catalytics;glutamate-ammonia ligases	5.75E-01	2.32	80	2	2	10h	0h	12464	16557	23411	6812	25552	20058	23650	36733	37936	16479	35372	31987	34357	8406
AT5G64460.1;AT5G64460.5	Phosphoglycerate mutase family protein	5.76E-01	1.43	320	5	5	2h	6h	267501	296677	277709	396869	339069	277063	280875	192085	236113	332827	299963	313167	292667	365126
AT1G51690.3;AT1G51690.1	B ALPHA - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	5.76E-01	1.56	72	1	1	24h	6h	4358	6516	7560	6412	5972	4847	2784	6595	5558	5135	5924	5596	8276	6329
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	5.76E-01	2.38	230	4	2	24h	4h	34756	44718	11312	43782	3419	30382	32077	27584	33713	35429	0	43828	42202	38270
AT4G23100.1;AT4G23100.2	RML1, PAD2, GSH1, CAD2, ATECS1, GSHA - glutamate-cysteine ligase	5.77E-01	1.30	586	10	8	2h	10h	1257738	1444744	1201425	1761470	1260512	1134297	1124744	1248144	1182000	1462160	1133437	1148729	1247166	1486382
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	5.77E-01	1.42	442	9	9	2h	24h	1333612	860827	1397383	1144474	1103877	1034503	919655	952423	1278422	877620	826601	1055634	980745	810860
AT5G14310.1;AT1G53830.1	ATPME3, PME3 - pectin methylesterase 3	5.78E-01	1.44	774	12	12	0h	10h	3146003	2389232	2140658	2520408	1911621	2663403	2521318	2292643	2403275	2033158	1594930	2257194	1757860	2381063
AT5G65720.1;AT5G65720.2	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	5.78E-01	1.63	66	2	2	8h	24h	31458	63862	67410	56664	45109	52875	51400	50590	55860	70688	39237	44971	55180	22256
AT1G53240.1	mMDH1 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	5.80E-01	1.43	1846	21	13	24h	4h	7595506	8782669	6180897	9410308	7241234	7103926	7506939	7200238	6233274	9248872	7703405	7237846	8588550	11966506
AT4G03280.2;AT4G03280.1	PETC, PGR1 - photosynthetic electron transfer C	5.81E-01	1.60	169	4	4	8h	10h	177039	344418	160531	270779	221516	322517	259515	301742	239656	348681	148126	218462	195342	199088
AT3G23940.1;AT3G23940.2	dehydratase family	5.81E-01	1.38	634	14	14	0h	2h	1456297	1084625	988606	857079	995639	1104419	956061	932926	1275466	713045	1101900	1183696	1085384	1198507
AT2G06850.1;AT3G23730.1	EXGT-A1, EXT, XTH4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 4	5.82E-01	3.49	99	2	2	0h	24h	135185	72609	30116	53395	35507	86114	66184	67647	58713	44196	18771	112783	41970	17554
AT2G36130.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	5.82E-01	2.01	40	1	1	0h	6h	9627	11701	7162	11452	5439	9645	1839	8756	6431	9466	4188	7629	7249	11611
AT1G55770.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	5.83E-01	1.60	20	1	1	24h	8h	279457	298113	142718	329069	223915	244329	251273	206840	149147	231627	192208	245023	293335	316609
AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e family protein	5.84E-01	1.72	85	2	2	2h	10h	85653	216348	248321	154231	172960	124536	204314	182668	226463	152731	101809	132331	155723	97004
AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein	5.87E-01	1.23	294	3	3	10h	8h	79626	70197	70260	76426	71172	64926	58303	71159	52400	69950	63553	86436	65713	59322
AT2G45990.1;AT2G45990.3;AT2G45990.4	unknown protein	5.87E-01	1.27	223	6	6	2h	6h	298979	291632	250720	363983	262767	265613	281953	202790	252474	321964	239725	256450	249796	239127
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation factor 3A	5.88E-01	3.23	29	1	1	2h	0h	0	1334	3116	1198	577	1073	1270	1500	538	3096	36	2031	1533	2735
AT2G01350.3	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	5.88E-01	2.04	52	1	1	6h	24h	12153	38271	25017	21051	28044	22226	30502	30402	23136	29108	19665	24605	19622	10256
AT1G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein	5.88E-01	1.57	230	4	4	0h	24h	165393	149124	99731	166279	101957	134568	101634	117852	100207	169106	95068	113740	122782	77752
AT4G29040.1;AT2G20140.1	RPT2a - regulatory particle AAA-ATPase 2A	5.88E-01	2.17	320	4	4	24h	0h	52576	132222	192265	105403	141633	134404	148216	199419	197106	122074	135462	152729	279415	120731
AT5G63380.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	5.89E-01	2.88	70	1	1	6h	24h	7502	3256	7327	0	4072	6749	6077	6447	4508	3458	3790	6933	2815	1530
AT1G12520.2;AT1G12520.1	ATCCS, CCS - copper chaperone for SOD1	5.89E-01	5.79	56	1	1	10h	8h	4793	1113	5566	6508	5917	3236	920	5289	2352	1049	2095	17592	2398	1458
AT3G49910.1	Translation protein SH3-like family protein	5.89E-01	2.00	116	2	2	2h	0h	21098	94473	145894	85121	86663	58223	79333	60925	92561	81740	48904	68613	60583	67832
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	5.89E-01	1.37	280	6	6	24h	0h	212266	252314	247523	338198	340543	244550	265056	298460	243554	243101	332374	232523	341595	293874
AT5G15200.1;AT5G15200.2;AT5G39850.1	Ribosomal protein S4	5.90E-01	1.62	185	4	4	2h	0h	155367	353505	515502	308208	334468	281636	263330	292337	395210	306154	237350	285122	320174	288077
AT1G26880.1;AT1G69620.1	Ribosomal protein L34e superfamily protein	5.90E-01	2.30	42	1	1	6h	10h	35959	79270	104416	55949	84191	38342	121185	56424	53926	48854	31615	45602	49293	54197
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	5.90E-01	2.99	267	4	3	2h	10h	45821	324897	347121	201770	169900	122674	344357	137554	177847	197266	59887	123395	91467	119832
AT5G28050.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	5.91E-01	3.15	34	1	1	24h	10h	10425	8093	15061	5476	8328	8558	9300	15399	15690	985	3732	12434	19336	31606
AT4G37590.1	NPY5 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	5.92E-01	2.37	27	1	1	24h	8h	5323	6950	3955	5759	5228	3352	5941	6003	1569	4017	3344	5317	2831	10401
AT3G02760.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	5.92E-01	1.85	189	3	3	10h	0h	103605	85501	196643	89538	163705	148177	116743	145942	170721	77526	163563	185810	141058	125829
AT3G11710.1	ATKRS-1 - lysyl-tRNA synthetase 1	5.93E-01	2.24	412	8	7	8h	10h	128226	252395	343434	265630	89859	288565	252203	315577	381477	240044	14392	262703	343391	164059
AT3G23600.1;AT3G23600.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.93E-01	1.46	843	12	11	2h	10h	2631003	2997560	2848023	4000100	2872669	3112973	2471369	3317902	2567834	4158490	2529694	2176146	2956942	2585105
AT4G29490.1	Metallopeptidase M24 family protein	5.94E-01	2.64	28	1	1	0h	4h	10999	11840	0	10853	5131	3516	9595	2522	4175	8601	4719	4668	9277	8903
AT4G01070.1	GT72B1, UGT72B1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	5.94E-01	1.84	38	1	1	6h	24h	82391	80630	118959	74515	117001	84995	83843	148858	140559	80345	117631	96994	92639	33720
AT5G62120.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	5.94E-01	1.54	785	12	12	8h	10h	676775	666679	740981	697484	646077	686320	583791	872807	961188	550171	404230	580052	734244	552539
AT2G43710.1;ATG43710.2;AT5G16240.1	SSI2, FAB2 - Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	5.95E-01	1.92	497	8	7	4h	0h	449321	511915	888191	516787	1217297	623755	734386	923831	1031386	530199	929656	582326	566424	601939
AT2G05920.1	Subtilase family protein	5.95E-01	1.55	98	2	2	0h	10h	44544	42564	31799	48721	29509	45201	22556	48873	38055	47090	26420	29789	27244	31530
AT1G68890.1	magnesium ion binding;thiamin pyrophosphate binding;hydro-lyases;catalytics;2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydr	5.96E-01	5.46	22	1	1	24h	10h	20666	71667	40581	80273	120049	23672	135158	32112	12377	80451	21437	28794	103436	170964
AT3G04710.3;ATG04710.1	TPR10 - ankyrin repeat family protein	5.96E-01	4.13	21	1	1	24h	8h	978	1684	2186	710	1778	1357	0	1807	0	1236	936	673	1716	3388
AT3G43540.2;AT3G43540.1	Protein of unknown function (DUF1350)	5.96E-01	1.62	49	1	1	0h	10h	84317	69151	64373	50242	48652	55573	47924	61154	53819	65359	31960	62833	74880	46068
AT3G18290.1	EMB2454, BTS - zinc finger protein-related	5.97E-01	9.85	24	1	1	8h	24h	35000	944	82898	6234	43072	22718	11137	51229	112497	352	38102	14587	11461	0
AT4G16155.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	5.97E-01	1.59	682	13	6	8h	24h	429967	434074	686806	361874	504062	437692	398995	495534	656930	399595	494535	496337	372759	293808
AT5G65620.1	Zincin-like metalloproteases family protein	5.97E-01	1.24	940	18	10	2h	24h	793262	1005541	873412	1141938	904417	886910	903898	801074	928083	1076912	850097	854576	918900	700002
AT1G79920.1;AT1G79920.2	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	5.98E-01	1.37	1711	25	7	24h	0h	674895	758352	915142	750730	802749	772498	776589	905967	1132363	695157	867780	729288	1014939	954118
AT3G48890.1;ATG52240.2	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	5.98E-01	22.42	131	2	1	24h	4h	11386	8996	7093	26283	7581	12692	20163	20425	59934	36598	108103	0	197654	256886
ATG19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	6.00E-01	1.24	532	8	6	2h	24h	2239035	2185250	2645488	2518827	2401636	2296290	2433231	1967096	2739207	2246084	2318597	2273693	2460878	1693019
AT2G33450.1	Ribosomal L28 family	6.00E-01	2.51	26	1	1	0h	2h	20659	49148	22382	5443	44569	14795	39500	18051	26254	28094	35834	21126	30139	38259
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	6.00E-01	5.49	511	11	10	10h	6h	414899	111382	396223	192552	254753	150760	44661	86667	171160	38918	548894	172027	9535	314823
AT2G32520.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.01E-01	1.42	239	5	5	6h	24h	529297	478550	587852	493765	575959	549774	439185	716777	591916	428486	506706	453252	459233	355855
AT5G26667.2	PYR6 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.02E-01	10.81	40	1	1	24h	6h	3470	8431	0	8099	2710	2897	661	2191	2399	9937	2783	3953	4879	25948
AT1G09490.2;AT1G09490.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.02E-01	5.89	58	1	1	10h	24h	11549	680	13227	9247	12049	6908	2649	11039	26171	1570	21376	16683	6204	259
AT2G22230.1	Thioesterase superfamily protein	6.02E-01	1.23	171	3	2	8h	10h	481509	502973	480358	571756	431181	495754	481973	445244	557875	510966	351093	515603	473775	499644
AT5G51700.1	PBS2, ATRAR1, RPR2, RAR1 - protein binding;zinc ion binding	6.03E-01	1.75	32	1	1	10h	0h	22216	14490	35364	17271	24523	21426	10092	29134	38139	23250	37569	26830	35967	26652
AT4G19006.1	Proteasome component (PCI) domain protein	6.05E-01	3.56	130	3	1	24h	0h	7823	4422	13438	1014	10600	18924	11349	23615	20108	0	7744	13324	26866	16788
AT1G53890.3	Protein of unknown function (DUF567)	6.05E-01	2.83	26	1	1	24h	0h	9779	12951	4799	27824	21409	16385	14534	13860	10811	29834	27443	15357	27715	36609
AT1G62380.1	ACO2, ATACO2 - ACC oxidase 2	6.05E-01	2.34	245	6	4	10h	8h	105341	96724	122581	179064	145453	74190	127636	55729	72376	105873	104023	312927	103348	148009
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	6.08E-01	2.22	61	1	1	24h	10h	67364	36874	58187	106839	23582	94621	53814	72973	81532	134081	11819	87565	127323	93161
AT1G68010.1;ATG68010.2	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	6.10E-01	1.18	2251	33	33	10h	6h	21934527	17982241	19088220	18102239	19615444	18707433	17830609	17038570	20725910	16815164	20196105	20836818	18487890	19898454
AT3G01520.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	6.11E-01	1.41	30	1	1	0h	10h	10594	9994	9553	9037	6908	10041	8570	11823	7412	11739	6457	8096	9936	8855
AT5G62550.1	unknown protein	6.11E-01	6.14	22	1	1	2h	24h	13334	5002	40079	4791	17029	16561	9215	12338	23935	2130	15546	14776	6018	1294
AT3G16640.1;ATG05540.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	6.12E-01	1.62	991	11	11	24h	0h	3798120	3588000	4149704	7644120	4608796	4789554	3595170	4451275	4128353	7251813	4946085	4710745	4327398	7628370
AT4G38680.1	GRP2, CSDP2, CSP2, ATCSP2 - glycine rich protein 2	6.12E-01	2.16	34	1	1	8h	4h	849671	589032	441794	797173	106835	759058	848873	957712	969068	897794	128833	872771	791286	730432
AT3G02720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	6.12E-01	1.20	305	6	6	24h	6h	410031	405754	425241	493785	450221	423921	427496	386926	361175	476893	506661	399765	488628	488971
AT4G12910.1	scpl20 - serine carboxypeptidase-like 20	6.12E-01	2.06	54	1	1	0h	8h	14728	10803	8072	11107	12293	7758	6195	8216	600	11805	10114	8119	8990	11930
AT3G14420.1;AT3G14420.3;AT3G14420.4;AT3G	Aldolase-type TIM barrel family protein	6.14E-01	1.30	2104	30	11	2h	24h	9866837	11082129	9546300	15491288	9385864	10759845	10547808	8857716	11917084	12360132	9707113	12375507	9736795	9453957
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	6.14E-01	1.37	438	7	7	0h	24h	2886621	2551685	2663040	2039444	2223694	2310708	2673256	1719180	2426380	2007668	2340747	2281949	2085496	1896330
AT2G21530.1	SMAD/FHA domain-containing protein	6.16E-01	1.31	536	8	8	0h	6h	1897987	1206388	1519743	1328839	1258349	1383263	1116855	1244762	1675546	1254531	1466033	1

AT2G37620.1	ACT1, AAc1 - actin 1	6.16E-01	2.52	501	10	1	2h	0h	6211	15921	47500	8239	19376	19208	22431	23399	31544	0	19923	19645	20408	7616
AT3G04940.1;AT5G28030.1	ATCYSD1, CYSD1 - cysteine synthase D1	6.16E-01	1.70	110	3	1	10h	24h	32219	23614	31437	18805	37449	26402	25239	26565	30635	19670	38375	28560	27148	12241
AT2G30410.1	KIS, TFCA - tubulin folding cofactor A (KIESEL)	6.18E-01	2.03	100	2	2	2h	24h	133178	92192	214707	104417	134856	141245	92253	117012	173174	84421	109281	132528	113168	44330
AT2G35840.1	Sucrose-6F-phosphate phosphohydrolase family protein	6.18E-01	2.26	120	3	2	4h	0h	20017	17043	34448	7855	41172	42472	25034	36671	36973	6649	35660	44457	36284	15127
AT3G19170.1;ATIG49630.1;AT3G19170.2	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	6.19E-01	1.31	1758	37	35	2h	24h	3222430	3865864	5037283	3888958	4255714	3219925	3679551	3259944	4007467	3643194	3730837	3877791	3932269	2878512
AT4G14920.1	Acyl-CoA N-acyltransferase with RING/FYVE/PHD-type zinc finger protein	6.19E-01	2.72	28	1	1	4h	24h	746184	382699	1001076	316091	590509	823263	412798	912712	815611	206458	607914	698882	406755	113249
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	6.21E-01	1.36	1157	19	8	10h	6h	2433366	1674135	2309639	2630721	2559031	2103226	2057918	1686911	1924772	2692904	2801385	2278781	2078717	2547751
AT5G06870.1	PGIP2, ATPGIP2 - polygalacturonase inhibiting protein 2	6.21E-01	7.36	73	2	2	8h	10h	61899	77728	10509	101848	18357	92979	7047	58726	36139	133292	16019	6996	14011	54536
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	6.21E-01	6.55	56	2	2	6h	8h	2318	16716	5151	5760	1716	3989	24221	9691	4226	955	0	11420	6626	5544
AT4G01610.1	Cysteine proteinases superfamily protein	6.23E-01	1.79	426	5	5	2h	10h	269595	278651	200580	410976	180248	290475	211878	283257	206208	387984	168271	173754	203230	234653
AT5G38060.1;ATSG38060.2	unknown protein	6.24E-01	2.74	85	2	2	0h	2h	33860	20307	5157	14596	3492	19779	35287	10568	10201	17639	5153	26197	23361	30526
AT1G04690.1	KAB1, KV-BETA1 - potassium channel beta subunit 1	6.24E-01	2.35	202	4	4	24h	10h	159373	234346	100955	300081	129845	151597	141708	134760	86965	296586	130376	140570	240986	394678
AT2G35780.1	scpl26 - serine carboxypeptidase-like 26	6.25E-01	2.58	32	1	1	24h	4h	7868	12934	3867	11688	5326	3409	8072	5369	6763	7823	4983	8604	6020	16502
AT5G02450.1	Ribosomal protein L36e family protein	6.25E-01	1.91	77	2	1	2h	10h	9085	43421	64615	34560	36434	25945	36164	31053	44074	37670	26843	25185	30137	29371
AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein / beige-related	6.25E-01	6.12	22	1	1	24h	4h	14352	12970	12071	57011	16329	9275	22458	13525	6114	88940	22027	19909	36709	119998
AT1G08420.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	6.26E-01	1.81	46	1	1	0h	24h	96025	75974	54290	101245	60997	70290	61386	68508	48252	98616	68097	67643	62429	32534
AT1G07140.1	SIRANBP - Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	6.27E-01	1.49	459	7	5	24h	0h	503935	447040	569338	523113	526190	491641	416986	553164	560141	424614	629951	442675	523797	889646
AT1G72880.1	Survival protein SurE-like phosphatase/nucleotidase	6.28E-01	2.10	22	1	1	6h	10h	10321	15384	9064	16128	11376	18516	21334	18263	11981	15094	2420	16411	13737	14585
AT2G20270.1;AT2G20270.2	Thioredoxin superfamily protein	6.28E-01	1.27	136	3	3	2h	10h	518358	423738	560151	462899	498396	424424	379173	511202	435611	504465	390726	414298	429664	421621
AT1G30630.1	Coatomer epsilon subunit	6.29E-01	2.57	51	1	1	6h	0h	19869	7419	22715	23270	13987	17475	29630	40453	32933	12798	23762	15041	36170	9704
AT4G17830.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	6.29E-01	1.61	135	3	3	24h	10h	146355	180589	173325	236999	156027	186844	160650	199761	134015	294982	190432	120987	259988	242136
AT2G17200.1	DSK2 - ubiquitin family protein	6.29E-01	3.86	137	3	1	6h	8h	4663	3713	8112	3336	5303	10504	1627	16372	3924	742	2417	6296	7570	0
AT1G22450.1	COX6B, ATCOX6B2 - cytochrome C oxidase 6B	6.30E-01	18.13	140	2	2	24h	0h	8921	0	3256	11436	769	12688	12238	2385	10352	0	11869	4323	7747	153948
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	6.32E-01	1.34	981	14	14	0h	10h	4990782	4109063	4389107	4116382	3021164	4462825	3669010	3636618	4989751	4064920	2468006	4305766	4094065	2730806
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	6.32E-01	1.19	761	14	14	0h	8h	990574	727310	749008	827660	723487	723190	801762	751257	729586	712326	723455	749798	679009	790365
AT5G03450.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.32E-01	3.58	21	1	1	10h	2h	61718	3822	33191	616	68323	37820	34716	38241	45411	1017	66157	54933	40829	0
AT1G48860.1;AT1G48860.2	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	6.33E-01	1.40	589	10	3	24h	6h	217357	190198	223400	222888	221244	191502	178284	157621	206876	184426	182546	194581	169764	299350
AT2G21250.1;ATZG21250.2	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	6.33E-01	1.25	568	10	7	2h	6h	466115	455395	349876	575731	364242	409037	348433	394107	439492	406024	387685	392960	437590	463508
AT1G06680.1;AT1G06680.2	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	6.33E-01	1.37	1839	17	11	8h	6h	102746660	63129855	80289742	77566725	63190312	85307404	61478336	62590432	93377575	76986156	66151987	78736269	76652654	83387235
AT4G34490.1	ATCAP1, CAP 1, CAP1 - cyclase associated protein 1	6.34E-01	1.86	57	2	2	2h	24h	91576	161948	160815	156255	152526	89927	150016	117027	139890	122225	82650	140568	126664	43371
AT4G30920.1	Cytosol aminopeptidase family protein	6.34E-01	1.36	703	11	1	8h	10h	217785	192098	220869	177507	210701	206954	170080	225167	238988	180402	195631	113841	192085	197029
AT5G65090.1	MRH3, EST1, DER4 - DNAse I-like superfamily protein	6.34E-01	2.32	20	1	1	6h	24h	13486	8996	14171	3887	10707	14815	18400	20891	24095	6781	11979	12409	10877	6078
AT3G09980.1	Family of unknown function (DUF662)	6.35E-01	2.26	22	1	1	2h	4h	23360	26185	37341	31086	10064	20156	19764	42970	40493	10712	17732	23114	23452	17639
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	6.35E-01	65.67	145	1	1	2h	0h	2349	0	152392	1845	37294	7375	35720	58226	53420	0	2423	19733	13069	0
AT4G34290.1	SWIB/MDM2 domain superfamily protein	6.35E-01	2.42	37	1	1	2h	4h	25168	15116	21352	25429	0	19337	21534	16401	18427	15320	0	29435	13668	7793
AT3G01510.1	LSF1 - like SEX4 1	6.36E-01	1.47	168	4	3	4h	24h	129878	91541	137187	84322	149995	142670	112590	126222	130619	93763	130942	110958	113959	84665
AT3G48930.1;AT4G30800.1	EMB1080 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	6.36E-01	2.09	133	4	4	6h	0h	50990	181459	140908	118927	156030	111019	246597	136120	139305	102557	85892	107203	78439	104336
AT3G21330.1	KH domain-containing protein / zinc finger (CCCH type) family protein	6.37E-01	2.63	25	1	1	0h	10h	8118	11897	5378	9801	205	8877	3629	10358	6251	12732	554	7042	8057	5388
AT1G49240.1;ATG18780.1	ACT8 - actin 8	6.39E-01	1.71	902	15	3	6h	4h	93351	186020	195749	151544	131953	138686	268568	193885	199903	114960	89428	185021	176625	141698
AT5G20290.1;ATSG59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	6.39E-01	1.89	495	8	8	2h	24h	629924	1566947	2043698	1105616	1375854	971706	1659321	985718	1306429	1046562	684139	1004873	967825	700305
AT1G14320.1;AT1G14320.2;AT1G26910.1;AT1G	SAC52, RPL10, RPL10A - Ribosomal protein L16p/L10e family protein	6.39E-01	2.22	245	5	5	2h	0h	56590	123258	290795	107849	161115	115898	258790	138335	247527	73770	86057	114359	108608	90188
AT3G47070.1	unknown protein	6.39E-01	2.01	352	5	4	8h	10h	3283557	2541787	2796434	3302681	645724	3250404	2166344	2818554	3710454	2981736	458399	2873133	2478141	2540540
AT4G36760.1	ATAPP1, APP1 - aminopeptidase P1	6.40E-01	1.55	266	5	5	8h	6h	136618	123900	101698	194941	107461	141175	93722	128212	119825	225107	123672	108639	154535	182966
AT5G17560.1	BoA-like family protein	6.40E-01	1.41	125	3	3	6h	10h	142209	195916	177260	164014	144485	131092	188766	173128	138585	194219	106902	150206	185374	105243
AT3G27830.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	6.41E-01	1.57	385	6	6	8h	10h	2100541	2775298	2566512	1905185	1840742	2103226	1658813	2171479	2548267	2844520	1663122	1766073	2839426	1224614
AT1G18140.1	LAC1, ATLAC1 - laccase 1	6.41E-01	2.07	27	1	1	2h	6h	14476	13035	17987	30289	19710	14724	10658	12653	9075	26135	18010	8001	14999	11538
AT1G52400.1;AT1G52400.2;AT1G75940.1	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	6.43E-01	2.85	542	10	10	8h	10h	1132320	746408	511501	1000679	383165	787863	155523	783925	576036	1379111	505117	180502	94609	798598
AT3G14060.1	unknown protein	6.43E-01	2.74	22	1	1	24h	4h	48818	61898	6277	46430	12700	30318	65938	16483	15983	46921	31404	35563	42956	74977
AT1G04480.1;AT3G04400.2	Ribosomal protein L14p/L23e family protein	6.44E-01	1.79	188	3	3	2h	10h	175668	563136	827958	434824	560559	385284	702853	417362	664685	428184	324876	383245	391063	137879
AT3G16460.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	6.44E-01	1.64	97	1	1	8h	24h	5092	16904	6245	14132	3873	20632	4479	18185	10119	17727	18472	0	7332	9603
AT2G06050.1	OPR3, DDE1 - oxophytodienoate-reductase 3	6.44E-01	2.43	517	13	11	24h	10h	500727	850200	341272	810572	404106	750345	446242	915842	470978	874319	688716	385780	811257	1795322
AT1G23130.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	6.44E-01	2.37	108	3	3	0h	8h	28689	20607	11102	16658	14180	20862	10907	20868	7772	13053	5671	25897	16529	26176
AT2G43550.1	Scorpion toxin-like knottin superfamily protein	6.44E-01	Infinity	43	1	1	10h	2h	11747	1346	0	0	0	7877	0	5847	0	733	0	26632	1426	5205
AT5G65820.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	6.45E-01	1.63	26	1	1	6h	24h	237351	192277	223997	114032	224067	178678	191065	249273	245979	132911	173603	172422	169466	99922
AT5G15450.1	APG6, CLPR3, CLPR-P - casein lytic proteinase B3	6.45E-01	1.60	630	11	11	6h	24h	210271	229607	285387	196884	249520	205139	261225	320373	339942	154355	141886	223814	180724	182758
AT2G42790.1	CSY3 - citrate synthase 3	6.47E-01	2.51	218	3	2	24h	10h	66919	107365	60964	148633	62223	98939	77030	102540	57037	187667	62511	55566	118064	177721
AT3G05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	6.47E-01	1.75	215	5	5	24h	10h	202135	181400	83394	209042	102117	138979	161576	120402	90239	181151	83701	138769	155917	233631
AT3G60050.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	6.47E-01	2.12	29	1	1	6h	10h	66157	166124	83366	154514	122651	100983	187153	185277	102675	174148	89872	85688	196205	88175
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	6.47E-01	1.26	974	16	16	2h	6h	3459014	2913310	3711626	3112071	3700356	2677252	2943861	2493017	3187976	2398291	3099679	3028067	2904118	2707924
AT4G13360.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	6.48E-01	1.48	299	5	5	24h	6h	310714	307420	308499	433990	299060	323552	221309	358671	247875	459747	336491	265889	442636	416537
AT1G49760.1	PAB8, PABP8 - poly(A) binding protein 8	6.48E-01	2.17	307	5	3	2h	10h	93744	105438	139717	162579	139681	150131	140562	109557	150387	121518	120846	118448	113876	92355
AT4G37980.1;AT4G37980.2	ELI3-1, ELI3, ATCAD7, CAD7 - elicitor-activated gene 3-1	6.48E-01	1.30	945	13	10	0h	6h	1513576	1371931	1157593	1170390	1272585	1078142	1330310	897206	1097044	1480129	1347452	1201113	1200277	1406882
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	6.48E-01	1.89	72	1	1	6h	10h	24665	55581	52870	26671	31782	24140	43469	47045	50850	30887	14158	33669	37229	17644
AT3G18200.1	nodulin MtN21 /EamA-like transporter family protein	6.49E-01	2.45	48	2	1	24h	8h	21237	14490	18852	716	14821	9672	18132	16699	9252	8310	11786	8313	9828	33136
AT1G24510.1;AT1G24510.2;AT1G67760.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.49E-01	1.42	337	6	6	6h	0h	108469	236208	197491	257588	201348	188021	231043	259704	207273	239998	197935	208199	211937	190316
AT2G22990.1;ATIG73300.1;AT2G22990.1;AT2G	SNG1, SCPL8 - sinapoylglucose 1	6.49E-01	1.57	319	6	6	0h	10h	1208555	1416153	688348	1400781	944335	998545	878141	989808	864538	1357451	1004592	665775	1022897	1335095
AT2G39460.1	ATRPL23A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	6.50E-01	1.93	126	2	2	6h	24h	40960	125142	118816	86097	103832	76416	142758	78648	87056	76415	59499	73775	42041	72421
AT5G16970.1;AT1G26320.1;AT5G16980.1	AT-AER, AER - alkenal reductase	6.50E-01	1.41	1024	17	9	8h	6h	1351761	1700285	1170093	1864779	1472186	1611336	1152058	1324562	1400898	2097152	1417406	1153658	1439775	1811785
AT2G17360.1;ATZG17360.2;AT5G58420.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	6.50E-01	1.49	278	7	7	24h	10h	655172	1191092	1061576	871342	787778	724206	1192745	657725	976060	1041845	642635	811263	989291	1180033
AT1G79690.1	atnudt3, NUDT3 - nudix hydrolase homolog 3	6.51E-01	1.78	49	1	1	2h	6h	14924	15538	19465	16860	13736	20326	2532	17884	12075	20593	14617	12180	17775	13806
AT5G64130.1	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein	6.52E-01	2.79	88	1	1	6h	8h	99364	60610	105756	0	19975	89009	113036	125425	85499	0	7653	97437	56249	103820
AT2G32730.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	6.52E-01	1.36	41	1	1	0h	10h	16812	37103	27779	30722	28280	30462	32766	40690	36139	32836	25785	29751	30843	40702
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	6.53E-01	1.20	1046	18	18	2h	6h	3707664	3433695	3837305	4165590	3629394	3485503	2743798	3916605	4048867	3519238	3666830	3114111	3522419	3182327
AT3G42640.1	AHA8, HA8 - H(+)-ATPase 8	6.54E-01	1.27	22	1	1	2h	0h	75032	109654	123439	111937	122467	106095	90296	118103	97979	131352	108199	86511	90522	102810
AT3G58500.1;AT1G10430.1	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	6.54E-01	1.16	103	2	2	2h	8h	49641	53031	51899	63791	56640	58083	59922	48138	49523	50535	54231	58758	56306	47325
AT2G15480.2;AT2G15480.1	UGT73B5 - UDP-glucosyl transferase 73B5	6.55E-01	65.22	60	2	2	24h	2h	378	3951	0	1689	1870	0	819	2950	0	3789	7056	0	28763	81393
AT1G50170.1	ATSIRB, SIRB - sirohydrochlorin ferrochelatase B	6.57E-01	2.42	89	2	2	6h	8h	26706	17797	25850	25735	22852	17864	32517	27576	11088	13745	32140	17316	34087	4420
AT4G39150.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	6.58E-01	1.80	126	3	2	0h	4h	33513	35680	26826	31899	12450	26076	24670	31304	17529	28882	7487	34514	28630	30168
AT4G13930.1;AT4G13890.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	6.58E-01	1.21	1306	19	18	10h	0h	4355989	4838208	5545238	4698866	5531500	4786605	4647265	4943653	6166253	4628783	5784014	5320622	5347196	4892119
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	6.60E-01	2.23	279	5	4	6h	10h	110850	92396	255657	66623	140187	130155	193999	173183	215433	88835	32905	131533	91417	87492
AT3G19050.1	POK2 - phragmoplast orienting kinesin 2	6.61E-01	2.12	20	1	1	10h	24h	2342	12002	8558	8977	11090	9229	7926	10240	8159	7027	7579	13789	9369	725
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	6.61E-01	1.42	722	11	10	2h	24h	6999019	6519521	8790505	4989126	6135285	4873498	5802617	7116912	6026660	6316998	4291281	5509467	6491606	3237463
AT3G02780.1	IPP2, IPIAT1, IDI2 - isopentenyl pyrophosphate:dimethylallyl pyrophosphate isomerase 2	6.61E-01	1.39	237	5	4	0h	10h	180998	216786	184085	200825	188388	127567	153311	175070	160212	225864	157199	127959	142796	245829
AT3G12345.1	unknown protein	6.61E-01	1.36	39	1	1	8h	2h	953090	738795	751231	494688	810549	695982	766889	622086	1057786	641972	816721	831055	776978	830741
AT1G30530.1	UGT78D1 - UDP-glucosyl transferase 78D1	6.62E-01	1.55	120	3	2	2h	0h	30005	36773	36699	67109	61407	35634	36144	40540	39234	59482	48139	34198	38960	30707
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	6.62E-01	1.65	128	3	3	0h	24h	158253	122207	127964	93673	112287	100453	83137	110817	142417	67607	117235	131896	56321	113167
AT1G57943.1	ATPUP17, PUP17 - purine permease 17	6.62E-01	2.36	31	1	1	0h	6h	72927	43075	81151	19486	38180	36965	19816	29361	42347	20787	61725	43287	51034	28178
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	6.63E-01	1.46	1003	17	13	8h	10h	28003294	20076802	23353459	19541259	18282602	22893531	20766225	19820078	26931271	24413393	12103573	22955245	23303346	11935895
AT5G16840.1	BPA1 - binding partner of acd11 1	6.63E-01	2.07	113	1	1	6h	10h	7672	15842	6929	13636	3293	13423	10065	15249	9161	14757	4227	7987	13774	10934
AT4G17260.1	PUR4 - purine biosynthesis 4	6.64E-01	1.24	452	11	11	2h	24h	598217	473005	604158	490536	558703	506411	509640	550741	623229	450453	540867	531970	432760	446912
AT5G09590.1;AT4G32208.1	MTHSC70-2, HSC70-5 - mitochondrial HSO70 2	6.65E-01	1.51	742	12	10	24h	0h	432264	662521	459851	681183	574290	624820	450894	699123	579338	788414	704912	409195	726659	927583
AT2G28470.1	BGAL8 - beta-galactosidase 8	6.65E-01	1.74	105	1	1	10h	24h	121930	70036	112845	57872	96020	95886	97439	67473	125713	68518	85904	117181	66365	50051
AT5G26000.1;AT1G51490.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	6.65E-01	1.64	2724	35	33	0h	6h	49790032	23740778	32693178	34971374	26161631	27650711	21598664	23151177	32009304	20732277	37929732	32999999	22492817	44630540
AT4G24620.1;ATG24620.2	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	6.65E-01	1.11	1202	17	17	0h	8h	2317482	2463956	2321519	2058247	2287260	2236687	2220018	2282926	2216252	2109372	2342225	2084427	2163557	2358843
AT5G48880.1	PXT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	6.66E-01	1.90	154	4	2	8h	4h	85589	131166	32614	120107	55951	89794	124090	112211	167521	109356	26771	132662	128409	116918
AT1G74050.1;AT1G18540.1;AT1G74060.1	Ribosomal protein L6 family protein	6.66E-01	2.22	279	6	6	6h	24h	98009	428676	484853	221452	372903	238023	478774	302813	329393	271941	184771	239343	179757	172849
AT5G09840.1	Putative endonuclease or glycosyl hydrolase	6.67E-01	2.01	26	1	1	24h	2h	9051	16415	3491	19727	10629	14487	18205	12143	12326	15994	14810	18640	28329	18412
AT3G53020.1;AT2G36620.1	STV1, RPL24B, RPL24 - Ribosomal protein L24e family protein	6.67E-01	2.69	121	2	2	2h	10h	12697	105389	235529	65673	99436	56713	178549	87207	153260	55437	39576	72499	72112	43429
AT2G30970.1	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	6.67E-01	1.31	920	17	16	8h	0h	2015613	2422213	2667744	2228747	2653099	2718663	2746641	2899886	3128250	2667335	2802154	2436997	3087388	1852547
AT5G14740.2;ATSG14740.1;ATSG14740.3;AT5G	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	6.68E-01	1.13	2726	33	17	4h	6h	25216391	21463648	26168516	23916716	25531289	25026194	22896231	21874231	26790622	22659977	24249499	24644488	22538377	25082263
AT4G37930.1;ATSG26780.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	6.68E-01	1.16	2629	37	36	10h	6h	37669271	37671450	37804785	37660604	44718893	35643292	39182416	34655736	42090742	34637072	43981977	41728267	37128148	38248992
AT3G53110.1	LOS4 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.68E-01	2.42	144	3	2	6h	10h	25431	49596	42675	19683	44558	24406	49379	75755	75328	21228	22591	29110	77163	34525
AT5G19030.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.68E-01	2.33	33	1	1	2h	0h	10679	56627	97021	59660	53950	40243	106253	32098	51584	40170	28609	40323	56237	17583
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-	6.71E-01	1.66	88	3	3	0h	8h	16064	23931	9574	24640	18734	16004	15764	11003	11190	12835	15771	21119	11990	15622
AT1G06650.2	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.71E-01	1.66	81	1	1	4h	10h	12213	44758	29331	45630	36834	40109	35356	35372	35961	31527	27842	18524	30947	16293
AT4G16460.1	unknown protein; Has 58 Blast hits to 58 proteins in 23 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 30; Fungi - -	6.71E-01	2.28	24	1	1	10h	0h	8712	6580	17524	0	14906	19868	15367	12988	22106	0	17311	17544	18140	2570
AT2G42130.4;ATG42130.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	6.72E-01	Infinity	213	5	1	8h	0h	0	0	12838	0	0	0	0	0	13555	0	463	0	0	0
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	6.72E-01	1.55	27	1	1	8h	2h	17254	15282	11074	13185	14463	13393	17917	14593	17683	20033	11196	19629	11945	22403
AT1G32900.1	UDP-

AT2G47110.1;AT1G23410.1;AT1G55060.1;AT3G	UBQ6 - ubiquitin 6	6.73E-01	1.88	293	6	3	6h	0h	111495	236292	460718	188255	319925	246329	407153	245883	397690	176318	185663	273433	246900	102044
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	6.73E-01	2.92	51	1	1	6h	24h	16307	24065	26017	2347	21427	16242	22716	29466	19071	3002	11130	23093	13858	4020
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	6.73E-01	2.14	241	5	5	6h	24h	269001	181290	270124	117372	268634	209656	272490	279500	328256	87623	196109	308508	135478	122666
AT1G33390.1	ATFAS4, FAS4 - RNA helicase family protein	6.73E-01	2.16	48	2	2	0h	2h	17505	17391	5026	11160	9020	9211	17924	16381	18057	9900	4965	18648	21401	6238
AT3G46630.1	Protein of unknown function (DUF3223)	6.74E-01	6.38	21	1	1	0h	24h	3465	8159	4159	256	5738	1817	1293	8181	3591	583	915	4266	1515	307
AT4G35260.1;AT4G35650.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	6.74E-01	2.16	291	5	2	24h	10h	106418	112991	79005	209153	117805	105561	129591	119566	80260	249403	107265	102340	164341	288572
AT2G03440.1	NRP1, ATNRP1 - nodulin-related protein 1	6.74E-01	1.92	210	4	4	2h	10h	314372	243827	364799	311884	63598	330323	260826	285580	343894	248958	37493	314272	289344	268434
AT4G35220.1	Cyclase family protein	6.74E-01	8.17	64	1	1	4h	24h	3257	6894	0	8596	9653	4913	0	5947	4754	5776	4967	3950	1372	411
AT4G00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	6.74E-01	1.75	5289	63	58	0h	10h	232153101	124185371	131486528	164924290	124469181	129332262	108835628	126888716	143782100	132472723	101507059	102209569	81232464	182961157
AT5G21060.3	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-like family protein	6.74E-01	1.45	106	2	2	2h	0h	101534	177105	191431	212267	191152	142653	152696	210568	149395	184555	193616	151121	199323	166016
AT5G10860.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	6.74E-01	1.48	489	8	8	0h	6h	1418984	826297	731570	894752	700973	938627	654272	860775	870664	901856	689792	1018584	960630	984265
AT5G65760.1	Serine carboxypeptidase S28 family protein	6.75E-01	Infinity	56	1	1	2h	0h	0	0	0	4753	0	0	0	0	0	2579	0	0	0	354
AT3G13670.1	Protein kinase family protein	6.78E-01	14.07	26	1	1	2h	0h	3198	6453	131742	4055	68797	56725	2872	46417	122856	7112	56788	4875	7797	4637
AT3G27700.1	zinc finger (CCCH-type) family protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	6.78E-01	2.29	35	1	1	8h	2h	101869	157583	32171	101758	84598	73847	193411	80515	212611	94230	162674	54045	91050	92095
AT4G23460.1	Adaptin family protein	6.79E-01	2.16	84	2	2	0h	8h	8318	27816	26986	41655	28045	19445	31448	31155	16055	62031	16900	25183	30836	34898
AT5G59300.1	UBC7, ATUBC7 - ubiquitin carrier protein 7	6.79E-01	2.80	46	1	1	8h	0h	10988	9069	10110	41347	20319	18251	20546	12438	13736	42388	22106	21755	17325	28145
AT3G10060.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	6.80E-01	1.63	120	3	3	8h	10h	391459	247714	355034	311183	142908	352722	200699	296507	363251	312720	126895	288798	279817	222048
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	6.80E-01	2.58	103	2	2	0h	8h	453279	232704	221927	219043	275510	201052	354198	78062	119252	146439	27639	263424	192209	232053
AT3G16910.1	AAE7, ACN1 - acyl-activating enzyme 7	6.80E-01	1.22	316	8	8	2h	0h	622834	435341	615138	678452	585423	699584	582561	558255	722168	555953	559281	650652	627193	639392
AT3G09890.1	Ankyrin repeat family protein	6.80E-01	1.84	22	1	1	10h	0h	67191	111710	113226	167966	119199	147244	122072	121708	38675	166598	189826	138505	118880	130603
AT3G44130.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	6.80E-01	2.43	24	1	1	8h	10h	3796	7551	11358	690	15250	8379	6105	17381	11399	15549	7134	3938	2287	12008
AT5G28060.1;ATG04920.1	Ribosomal protein S24e family protein	6.81E-01	1.87	221	4	4	2h	0h	107438	210870	424591	169209	197760	185959	336530	180820	288685	183596	112983	208228	198664	123993
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GST6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	6.81E-01	1.49	641	10	8	24h	0h	2080610	3910963	2617929	3805815	2823573	3690760	4136963	3993622	3107468	5633987	2991993	3328631	5493149	3442687
AT4G25110.1	AtMC2, MC2 - metacaspase 2	6.82E-01	3.41	20	1	1	2h	24h	25269	6720	26465	7907	9986	17166	7400	21860	8872	9781	6335	18925	7388	2692
AT1G61150.3	LisH and RanBPM domains containing protein	6.82E-01	3.92	33	1	1	6h	4h	0	9384	2746	6053	3019	2292	7082	13747	4728	10741	2301	5324	8044	0
AT2G20260.1	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	6.83E-01	3.20	252	4	3	0h	10h	428790	281814	269483	299405	45551	344994	201336	259894	236418	318523	27262	194670	73661	576298
AT2G22610.1	ATMES3, MES3 - methyl esterase 3	6.84E-01	2.08	32	1	1	8h	6h	39368	40292	64336	46209	54993	41429	31713	40158	112954	36667	44388	42788	41946	61498
AT1G26630.1;AT1G13950.1;AT1G26630.2	FBR12, ATELFSA-2, ELFSA-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	6.84E-01	1.35	774	11	8	2h	10h	6434040	6199752	5993224	7155962	4102231	5676297	5851266	5606395	5023565	6991093	2998735	6724321	6196843	6556720
AT1G75420.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	6.84E-01	1.28	23	1	1	24h	4h	55345	59482	60274	73011	47008	59607	54910	55877	60044	65390	42957	72205	63200	72769
ATCG00380.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	6.84E-01	1.58	240	5	3	24h	8h	167335	398211	336674	256344	307091	261410	361823	260435	246594	288599	317578	231802	476178	370298
AT5G16510.1	Alpha-1,4-glucan-protein synthase family protein	6.85E-01	4.13	123	2	1	24h	6h	5431	17642	2517	19338	9029	6733	8942	1715	10768	7242	11005	3400	13150	30872
AT3G09630.1;AT3G09630.2	Ribosomal protein L4/L1 family	6.86E-01	2.00	431	11	2	6h	10h	10263	36236	34028	22976	26525	22353	45130	26932	22507	24067	11644	24410	12742	23613
AT2G33830.1	Dormancy/auxin associated family protein	6.86E-01	13.40	62	1	1	2h	24h	88734	7399	15945	94603	835	31415	19241	12931	3104	12854	3604	45401	2403	5848
AT4G13850.1	ATGRP2, GR-RBP2, GRP2 - glycine-rich RNA-binding protein 2	6.86E-01	1.97	28	1	1	24h	8h	45411	44548	71970	32518	17790	44451	56739	44185	29385	27442	13746	63122	55765	56050
AT1G27940.1	PGP13 - P-glycoprotein 13	6.87E-01	1.24	29	1	1	0h	24h	2550813	2563978	2724795	2067816	2304373	2184001	1997112	2595090	2477064	2003123	2243759	2083846	2140412	1974241
AT1G77730.1	Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	6.87E-01	1.61	49	2	2	8h	24h	170835	136044	177565	99261	146446	120385	145065	160542	180877	151555	107908	150908	152441	53459
AT2G33845.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	6.87E-01	2.19	30	1	1	24h	4h	31768	18109	24550	25642	328	26399	31981	24427	19320	17983	1453	43856	31441	27134
AT4G05770.1	GATA type zinc finger transcription factor family protein	6.88E-01	4.66	58	1	1	8h	2h	5731	3279	2831	130	669	3290	94	6203	4753	9034	0	5906	4759	4485
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	6.88E-01	1.32	161	3	3	0h	24h	327941	272066	285268	234153	261313	309228	233612	256867	325046	249809	204383	285493	278164	176357
AT1G76730.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	6.89E-01	2.14	33	1	1	0h	10h	22451	39788	20103	37373	4992	27824	23465	19416	14458	29270	971	28074	18298	20490
AT3G02220.1	unknown protein	6.89E-01	1.44	25	1	1	24h	2h	39840	38286	19723	45046	28974	38862	45581	20685	39299	45725	48185	42309	44734	48258
AT5G19290.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.89E-01	4.22	21	1	1	24h	4h	13418	10825	2895	18466	2692	7392	31109	9866	10549	12093	1856	26100	18988	23609
AT3G53460.1;AT3G53460.4	CP29 - chloroplast RNA-binding protein 29	6.89E-01	2.28	352	8	6	6h	4h	503496	312460	592599	346081	40164	417246	571608	470812	538626	243287	44167	503262	345101	259547
AT5G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	6.89E-01	2.20	58	1	1	24h	10h	10282	17196	1860	22739	13645	12848	17840	19497	8880	21759	7204	16825	25575	27289
AT1G64980.1	Nucleotide-diphospho-sugar transferases superfamily protein	6.90E-01	1.76	23	1	1	8h	0h	25442	11418	37770	22323	25230	32778	21652	22059	45692	19240	28128	31065	30114	21084
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	6.90E-01	2.25	171	3	3	2h	10h	47119	236410	227196	243844	180999	111609	241532	137686	157002	165586	99735	109211	118757	255530
AT1G75280.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein	6.90E-01	1.34	163	4	3	4h	8h	336127	247430	294465	204445	303506	352157	267046	271910	293825	193858	293798	285029	296874	207438
AT2G47510.1	FUM1 - fumarase 1	6.90E-01	1.41	811	13	6	24h	0h	418137	341924	549153	401658	486335	428040	419195	411153	596502	364808	483355	454182	614013	457251
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	6.91E-01	2.02	33	1	1	24h	0h	5665	27141	16999	24172	26663	13256	27792	22910	16063	21358	19113	27816	42819	23363
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	6.92E-01	2.49	63	1	1	2h	8h	15776	13463	44735	0	14114	15771	18881	23790	17992	0	15478	19548	16718	4606
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	6.92E-01	1.60	1545	24	20	8h	10h	76869116	52918796	66743476	68658087	27608948	70200498	51906932	60813222	73424442	62637028	20374216	64589798	59637734	55156303
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.92E-01	2.79	75	1	1	6h	0h	43902	48771	171449	56914	146837	77208	103948	155048	164712	42954	125657	92005	122004	38228
AT1G27450.2;AT1G27450.1;AT1G27450.3;AT1G	APT1, ATAPT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	6.92E-01	1.25	326	7	7	24h	10h	583761	760639	732692	859359	777402	646193	640627	818624	764844	724181	702032	613101	709475	937079
AT5G08570.1	Pyruvate kinase family protein	6.92E-01	2.57	270	6	1	6h	10h	0	20263	1844	23597	20436	15721	17995	20091	164	26724	8379	6454	11421	10539
AT1G66430.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	6.93E-01	1.97	291	6	6	10h	24h	361668	178155	340302	175245	310222	249715	274492	204589	405962	162306	282636	324518	202972	105598
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	6.93E-01	1.49	214	5	5	6h	4h	219633	287208	350017	277224	187040	236331	260081	368968	368057	207843	118229	306319	253012	194196
AT1G14610.1	TWN2, VALRS - valyl-tRNA synthetase / valine- tRNA ligase (VALRS)	6.93E-01	1.42	474	9	9	4h	0h	370828	290226	542990	371586	479369	461327	366877	532500	536258	370043	359623	485286	446582	319487
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	6.93E-01	2.36	263	5	5	10h	0h	48961	195143	256857	135628	213579	201813	249301	207751	243663	169555	190905	386083	276886	56245
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	6.94E-01	2.67	22	1	1	4h	2h	141411	32812	39311	38429	75452	131848	57997	63895	101139	34574	81726	73369	62102	53856
AT1G75750.1;AT1G75750.2	GASA1 - GAST1 protein homolog 1	6.95E-01	4.81	31	1	1	0h	24h	13240	9953	7956	13979	597	9741	10652	5785	3500	4309	8	14412	4213	608
AT4G04800.1	ATMSRB3, MSRB3 - methionine sulfoxide reductase B3	6.96E-01	61.21	138	3	1	24h	2h	0	3915	0	2157	3684	4067	7505	2210	0	26887	11942	0	66999	65024
AT1G16080.1	unknown protein	6.97E-01	1.33	734	14	13	10h	24h	2055144	1428256	2057383	1461383	1935277	1755706	1484566	1512305	1952892	1175114	1908495	1903053	1518149	1356569
AT5G43330.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	6.98E-01	1.42	811	11	1	8h	4h	65118	51523	36400	63190	39992	49436	49085	43827	52258	74738	41455	57531	52519	43824
AT4G01690.1	PPOX, HEMG1, PPO1 - Flavin containing amine oxidoreductase family	6.98E-01	11.14	21	1	1	2h	24h	52841	15272	192488	16291	166353	41559	494	85011	50644	13397	35865	54320	11317	7423
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	6.98E-01	1.36	563	10	10	6h	24h	1012196	906094	1065143	794847	978744	922493	1089360	985001	1142507	736545	788311	983975	842991	686680
AT2G36060.1;AT2G23260.1;AT2G36060.2;AT2G	MMZ3, UEV1C - MMS ZWEI homologue 3	6.99E-01	1.54	244	5	5	24h	4h	158302	134310	163995	137451	83981	151182	152860	145268	199701	110604	86540	157257	197129	164658
AT3G11250.1;ATZG40010.1	Ribosomal protein L10 family protein	6.99E-01	2.37	101	3	3	6h	10h	105852	443579	584890	261717	362949	208002	637208	285011	240993	265708	167401	222440	244870	256572
AT1G03130.1;AT4G02770.1	PSAD-2 - photosystem I subunit D-2	6.99E-01	2.39	268	4	4	0h	4h	1321188	1195578	758460	1213430	132348	920271	695248	1135804	688831	868345	264971	914411	283238	1351462
AT3G60770.1	Ribosomal protein S13/S15	6.99E-01	3.72	208	4	1	4h	24h	35151	37015	143532	0	126846	73377	27550	84894	67601	0	51466	76340	49733	4147
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	7.00E-01	1.62	179	3	3	8h	10h	163403	164237	215411	173001	118312	241327	173328	211675	230532	221659	80381	198183	182938	149053
AT4G02560.1	LD - Homeodomain-like superfamily protein	7.00E-01	6.92	23	1	1	8h	0h	22754	46916	304847	25240	310562	129101	57846	176266	436771	45421	324745	60691	61861	51413
AT5G65100.1	Ethylene insensitive 3 family protein	7.01E-01	24.97	28	1	1	0h	24h	44461	0	6259	6432	0	4272	7526	8302	17603	3841	1245	10148	0	1780
AT1G22940.1	TH1, TH-1, THIE - thiamin biosynthesis protein, putative	7.01E-01	1.64	125	2	2	4h	2h	32004	12375	16221	24115	34302	31654	26033	28124	35840	23838	24642	33468	31569	16236
AT1G27020.1	unknown protein	7.01E-01	5417.25	46	1	1	24h	2h	3812	0	6	0	0	1393	1077	1489	14167	0	17420	0	25659	8056
AT4G16130.1	ARA1, ISA1, ATISA1 - arabinose kinase	7.02E-01	1.49	26	1	1	4h	24h	20872	21737	21126	21296	19599	26427	20934	23352	21613	23537	16774	25503	23516	7473
AT5G52240.1	MSBP1, ATMP1, AtMAPR5 - membrane steroid binding protein 1	7.02E-01	3.26	126	2	1	24h	6h	15098	26583	0	52550	31537	7509	15829	8394	0	37694	29456	25749	45682	33322
AT1G13930.1	Involved in response to salt stress. Knockout mutants are hypersensitive to salt stress.	7.03E-01	1.57	631	10	10	8h	24h	10829858	10120721	13564564	9149642	11358239	11111819	9555517	12195841	10515503	12650070	6203103	13666652	10200612	4548185
AT1G07770.1	RPS15A - ribosomal protein S15A	7.03E-01	1.97	115	4	4	8h	10h	145240	407600	455321	312725	314649	220466	450116	221621	296233	282908	149242	240926	230326	270576
AT2G22450.1	riboflavin biosynthesis protein, putative	7.03E-01	2.16	125	3	1	4h	24h	13428	4911	11382	1307	11306	14573	9703	5460	21455	0	8047	8954	7150	4850
AT4G16550.1	HSP20-like chaperone	7.03E-01	4.16	23	1	1	8h	6h	15540	22850	14975	69876	16447	20282	13790	12609	15353	94436	29186	6489	22096	58970
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	7.03E-01	1.31	1306	17	17	0h	24h	4411174	2944435	3259049	3451288	2446350	3388880	2844325	2984510	3598130	3177990	2215163	3478955	2692444	2919187
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	7.04E-01	1.55	732	8	8	24h	10h	11192128	5952878	9408583	11545442	11820343	8228074	12627426	8477015	11991411	8645435	5463223	9012569	9479300	12928223
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.06E-01	1.32	1334	15	13	0h	4h	9462947	8063457	8293867	7923330	5893897	7345157	8732834	7943849	8603152	7407824	4536912	9008593	7094616	9573319
AT3G44300.1	NIT2, ATNIT2 - nitrilase 2	7.07E-01	28.09	388	6	2	8h	6h	2298	62169	9008	20452	16291	55164	4259	2581	4537	187592	3772	6168	6525	78237
AT3G03780.1	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	7.07E-01	1.15	2891	40	14	10h	6h	5515360	5801669	5753350	5741470	5961116	5411854	4995266	6255556	6541373	4916179	6582602	6376086	5849440	7038118
AT3G56130.1;AT3G56130.2;AT3G56130.4	biotin/lipoyl attachment domain-containing protein	7.07E-01	1.67	59	2	1	10h	24h	36219	18594	37213	15009	32292	20625	25188	22612	21386	15056	27364	32930	16665	19344
AT5G38380.1	unknown protein	7.08E-01	1.52	29	1	1	6h	8h	2702	3433	2541	3809	2619	2819	4288	2121	2881	1347	3234	2940	2922	1365
AT5G02240.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.08E-01	1.23	797	14	10	2h	24h	1937289	1446928	2228336	1628606	1792886	1902260	1713788	1637082	1740847	1625286	1743956	1436920	1484981	1647321
AT5G18380.1;AT3G04230.1;ATSG18380.2;ATSG	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	7.09E-01	2.12	213	5	2	6h	10h	21553	112133	103707	78513	81481	47639	124074	70762	89064	51970	45315	46612	60208	40212
AT1G76160.1	sks5 - SKU5 similar 5	7.10E-01	1.32	303	5	3	0h	24h	372337	365376	276849	457420	319165	333211	272501	325706	315506	328510	290566	408772	305785	254754
AT1G16880.1;AT1G16880.2	uridylyltransferase-related	7.10E-01	1.81	483	8	8	2h	24h	1028127	2055632	2739863	1645313	1943036	1223949	2226179	1837455	2184471	1392081	1058678	2197885	1252313	1166059
AT5G41850.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.10E-01	2.53	24	1	1	6h	10h	22739	8366	16081	9844	2446	17130	19224	18291	19049	9582	1714	13121	14592	6329
AT4G31490.1;AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	7.10E-01	2.75	42	1	1	0h	6h	2619	16767	6034	5418	6804	6147	407	6630	6307	12429	2994	8844	8686	4738
AT5G60360.1;ATG45310.1	SAG2, AALP, ALP - aleurain-like protease	7.10E-01	1.34	262	5	5	0h	24h	1363051	921765	1060218	1122462	1016498	991724	904606	1218516	945222	1014806	992736	992982	1021002	689059
AT2G46280.1;AT2G46280.3;AT2G46290.1	TRIP-1, TIF3I1 - TGF-beta receptor interacting protein 1	7.10E-01	1.37	77	2	2	8h	0h	37862	51447	68537	45241	50388	60386	52954	45598	65300	57244	47309	62152	48365	65497
AT2G32060.1;ATG15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	7.10E-01	1.72	136	2	2	2h	24h	126849	104059	178401	89209	108541	109159	128843	105672	145401	85989	66789	109943	111690	44118
AT5G52100.1	crr1 - Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	7.11E-01	1.25	73	2	2	4h	24h	89275	75954	74781	72028	91421	84226	66800	76369	87970	71146	81625	81568	88189	52593
AT1G07750.1	RmlC-like cupins superfamily protein	7.12E-01	6.23	25	1	1	0h	24h	10440	3014	4407	0	2494	10351	7794	3383	4976	2718	13250	0	1713	446
AT2G01250.1;AT2G01250.2	Ribosomal protein L30/L7 family protein	7.12E-01	1.87	126	3	1	2h	10h	67794	237698	295334	166065	188269	113845	274671	173332	198952	144623	114308	132985	114743	170745
AT2G42810.1;AT2G42810.2	PP5, PP5.2 - protein phosphatase 5.2	7.13E-01	1.43	61	1	1	8h	6h	8600	8778	3576	14532	6777	9957	43	14402	10963	9624	10365	5225	13300	6223
AT4G17100.1	unknown protein	7.13E-01	3.37	186	2	2	24h	4h	30247	8751	24138	30631	3781	32489	26657	29808	17729	38240	1254	50503	51201	70917
AT4G38740.1;ATG22130.1	ROC1 - rotamase CYP 1	7.13E-01	1.24	738	10	10	8h	6h	6309125	4914132	5170925	4730312	4582012	5340282	4329155	4949388	6368820	5104027	5623261	4721405	4062713	5490265
AT1G01480.1	ACS2, AT-ACC2 - 1-amino-cyclopropane-1-carboxylate synthase 2	7.13E-01	2.30	21	1	1	2h	24h	21549	6331	29915	12201	18231	5090	14502	18287	19809	9528	20555	19697	16485	1794
AT1G62640.1	KAS III - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase III	7.15E-01	2.33	134	2	2	10h	8h	45148	32701	46591	32008	34264	43440	48458	30822	30639	27783	39096	96887	59172	22846
AT1G72680.1	ATCAD1, CAD1 - cinnamyl-alcohol dehydrogenase	7.16E-01	3.09	144	2	2	24h	10h	10133	20570	12161	26599	18367	23225	5790	25248	6122	34679	15025	7721	28426	41769
AT4G13160.1	Protein of unknown function, DUF593	7.17E-01	4.54	26	1	1	8h	24h	4838	8557	35608	4396	12742	19498	7341	28458	38614	7208	8292	16455	6452	3641
AT3G13120.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	7.17E-01	1.58	102	3	3	24h	4h	190037	367656	266248	266916	215228	213281	329397	205652	265903	289688	288107	210093	383399	294301
AT1G55070.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	7.18E-01	4.75	53	2	1	2h	6h	16603	29223	4855	91002	22998	15989	10988	9175	0	55041	23338	19327	14276	9043
AT4G13780.1	methionine--tRNA ligase, putative / methionyl-tRNA synthetase, putative / MetRS, putative	7.19E-01	1.23	127	3	3	8h	4h	137117	184496	157290	173398	147849	125805	150725	146983	160532	177171	131754	159087	179261	132811
AT2G14170.1;AT2G14170.2;AT2G14170.3	ALDH6B2 - aldehyde dehydrogenase 6B2	7.19E-01	1.54	286	5	5	24h	6h	206361	167824	129899	263231	188536	191218	153588	111609	144568	245551	194649	177984	190075	217040
AT2G42530.1	COR15B - cold regulated 15b	7.20E-01	2.47	719	12	8	8h	10h	1428169	1250245	1470971	767264	617715	1798099	618921	1240236	1558779	1202474	763411	352383	444533	1947467

AT1G15750.1;AT1G80490.1;ATSG27030.1	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	7.20E-01	1.55	194	5	3	24h	10h	16416	22079	18528	18810	23530	18664	17645	17683	11660	22538	12639	15500	15620	27919
AT5G49940.1	NFU2, ATCNFU2 - NIFU-like protein 2	7.21E-01	6.07	61	1	1	4h	24h	7165	0	9689	0	15710	8652	10672	11099	8240	0	13454	9223	4016	0
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	7.22E-01	2.60	519	10	10	10h	0h	496020	1122393	750640	1271500	791418	1467542	815301	1040095	1143377	1625618	934657	3267590	1355211	441473
AT1G48850.1;ATIG48850.2	EMB3144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	7.23E-01	1.26	440	8	8	8h	6h	775835	659504	960260	754776	801147	796459	628261	776698	1022006	743311	873254	677471	833179	730190
AT3G47370.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	7.24E-01	1.76	91	3	1	6h	10h	17952	32319	35995	26018	16894	21810	43020	22938	18234	22131	14283	23097	14274	39628
AT4G11980.1	ATNUDT14, ATNUDX14, NUDX14 - nudix hydrolase homolog 14	7.24E-01	2.18	21	1	1	0h	4h	6024	4557	1711	6432	2332	2514	4038	3872	3282	3012	2462	3648	6177	2486
AT4G14570.1	acylaminoacyl-peptidase-related	7.24E-01	1.40	216	4	4	0h	2h	239744	139979	116612	154336	146852	162581	142638	149488	156241	135382	140745	182746	173453	157426
AT2G42540.1;AT2G42540.3	COR15A, COR15 - cold-regulated 15a	7.24E-01	2.33	638	11	7	24h	10h	1441515	1146804	1324041	892392	891849	1839746	781752	1250534	1410899	1583389	881115	521651	648009	2623775
AT2G27860.1	AXS1 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1	7.25E-01	1.52	647	9	1	24h	2h	46679	67972	30907	64459	55692	48103	62797	65439	53153	61958	42443	76709	77267	68003
AT5G20990.1	B73, SIR4, CNX, CHL6, CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molybdenum cofactor biosynthesis er	7.26E-01	Infinity	105	2	1	24h	0h	0	0	0	9369	1452	1130	1786	2322	0	7345	0	1373	0	11379
AT1G21750.1;ATIG21750.2	ATPDIL1-1, ATPDIS, PDIS, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	7.26E-01	1.85	981	17	13	24h	0h	833753	1002990	889760	2078560	1052812	1516321	1214657	1655677	996904	2111487	1504241	652868	1678997	1712512
AT2G41530.1	ATSFGH, SFGH - S-formylglutathione hydrolase	7.26E-01	1.71	222	5	5	6h	24h	520738	612833	741454	507207	570106	651954	448492	947587	682584	410073	610384	546228	516262	298007
AT1G02305.1	Cysteine proteinases superfamily protein	7.27E-01	6.46	42	1	1	2h	4h	33587	1786	0	62951	2101	7648	14921	9015	5694	46568	0	10903	18323	43452
AT1G27950.1	LTPG1 - glycosylphosphatidylinositol-anchored lipid protein transfer 1	7.27E-01	1.53	100	2	2	8h	10h	11468	15384	11780	14107	21610	10556	14165	14823	13526	18975	8630	12556	10136	14317
AT1G74920.1;AT1G74920.2	ALDH10A8 - aldehyde dehydrogenase 10A8	7.27E-01	1.23	497	8	8	8h	24h	1187802	1143954	1095264	1396778	1181549	1168854	926459	1308294	1272147	1230302	1217835	973078	940076	1101989
AT2G25830.1	YebC-related	7.28E-01	1.70	201	4	4	2h	10h	209661	119176	252261	160660	58218	205311	206563	203949	236876	169779	52536	190699	191815	115198
AT5G19180.1	ECR1 - E1 C-terminal related 1	7.28E-01	2.94	20	1	1	24h	8h	1715	1748	1974	525	473	1231	1448	2365	1507	0	1024	2316	4430	0
AT1G55660.1	FBD, F-box and Leucine Rich Repeat domains containing protein	7.30E-01	1.48	25	1	1	24h	2h	120947	122917	65646	122953	106561	105753	136394	75972	102789	138084	106162	158903	157540	120664
AT2G42490.1	Copper amine oxidase family protein	7.30E-01	2.15	29	1	1	24h	10h	22762	25527	22758	40425	32648	26790	33481	26724	14366	60714	30896	13371	48665	46410
AT5G49650.1;ATSG49650.2	XK-2, XK2 - xylulose kinase-2	7.32E-01	1.88	307	3	3	24h	6h	112341	86874	86560	155730	72593	108401	76874	77163	73311	170221	109712	108697	99141	191185
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	7.32E-01	1.39	434	5	5	8h	10h	960700	918084	774925	1122996	789644	952651	635646	912404	811523	1185727	652878	788058	746604	1134498
AT3G25230.1	ROF1, ATFKBP62, FKBP62 - rotamase FKBP 1	7.32E-01	1.23	356	6	6	2h	10h	289750	202153	293187	263311	241704	253207	236909	231042	252831	201797	250342	203714	315190	232821
AT5G66550.1;ATZG25500.1	Maf-like protein	7.33E-01	1.44	138	3	2	2h	24h	91055	114173	115614	125205	142271	74697	92535	93066	94372	105544	110604	72437	84539	82299
AT3G50970.1	LTI30, XERO2 - dehydrin family protein	7.34E-01	3.60	47	1	1	0h	24h	11698	4363	2800	3290	1269	10208	679	3966	4228	5683	452	5416	1025	3433
AT2G43530.1	Scorpion toxin-like knottin superfamily protein	7.35E-01	4.15	41	1	1	8h	24h	65772	61141	25283	94233	282	105663	25643	89023	51891	98988	1124	50568	17154	19227
AT1G66150.1	TMK1 - transmembrane kinase 1	7.35E-01	4.21	31	1	1	10h	0h	54764	7634	64579	3993	133837	60621	72218	86020	166229	11809	219295	43186	111401	22172
AT1G78860.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	7.35E-01	2.63	260	6	1	24h	0h	79583	78302	57873	231651	84048	107248	121431	66613	51985	168932	47035	134279	157532	257521
AT2G45460.1	SMAD/FHA domain-containing protein	7.36E-01	1.82	24	1	1	24h	0h	8350	5614	6835	10663	8064	11819	9756	7598	5448	11650	6293	13705	11996	13429
AT1G02110.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	7.36E-01	5.91	36	1	1	4h	6h	4077	803	4964	72	22967	4524	1330	3324	8207	0	16838	1027	1206	8373
AT5G39210.1	CRR7 - chlororespiratory reduction 7	7.37E-01	1.55	84	1	1	6h	10h	28818	31012	43813	31933	21370	30646	38114	39703	45794	20447	14672	35458	33042	20400
AT3G44860.1;ATG44870.1	FAMT - farnesoic acid carboxyl-O-methyltransferase	7.37E-01	1.64	417	9	9	8h	10h	811874	1302028	874146	976809	646864	1181430	723120	1241981	1102355	1244689	878916	550237	766049	1054349
AT4G05530.1	IBR1, SDRA - indole-3-butyric acid response 1	7.38E-01	1.31	215	5	5	2h	10h	296124	214055	291587	270840	236542	288381	243089	305766	314442	234450	175615	254775	254048	256013
AT4G30810.1	scpl29 - serine carboxypeptidase-like 29	7.39E-01	1.71	27	1	1	4h	10h	6114	3290	4359	3574	4541	5904	4757	4558	6056	3528	2683	3427	2556	5748
AT5G48180.1	NSP5 - nitrile specifier protein 5	7.40E-01	6.24	52	1	1	24h	10h	4498	8823	1584	13990	6224	3066	10181	2800	1471	12324	5010	3112	8710	42009
AT1G18640.2	PSP - 3-phosphoserine phosphatase	7.40E-01	4.15	43	1	1	10h	8h	9415	216	3120	354	3888	5910	2286	2746	1822	683	3582	6808	2952	2850
AT1G58050.1	RNA helicase family protein	7.40E-01	6.96	21	1	1	0h	6h	42603	35161	723	23417	505	40156	367	10806	3127	45820	9859	21128	10057	42858
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	7.41E-01	1.34	585	7	7	2h	24h	843484	1113488	1190922	898087	1046122	870072	1043048	1032985	1016377	1007592	608024	1001732	1058766	496415
AT3G05590.1	RPL18 - ribosomal protein L18	7.42E-01	1.93	195	4	1	6h	10h	23574	60032	42393	34203	35440	32843	68570	31684	35734	43956	20835	31041	30886	34574
AT3G55620.1	emb1624 - Translation initiation factor IF6	7.43E-01	1.77	26	1	1	6h	4h	5424	12164	9876	12157	9865	4656	15263	10457	13091	8453	12175	5539	9171	11680
AT4G34920.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	7.44E-01	5.53	36	1	1	10h	24h	17561	0	14979	1420	4434	6724	611	8279	12675	1084	1678	17131	3399	0
AT2G47610.1;AT3G62870.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	7.44E-01	1.88	178	4	4	24h	0h	23648	186963	234285	147893	225551	113558	240715	113773	101711	202671	109594	105133	119935	276744
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	7.45E-01	1.70	127	3	3	0h	4h	92453	242651	113158	127193	88870	108046	172680	95571	164135	147182	116754	135833	165240	145305
AT4G34030.1	MCCB - 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase	7.45E-01	1.73	45	1	1	4h	6h	2068	822	1278	835	1528	1579	161	1640	1536	924	1469	1432	1033	1101
AT1G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	7.46E-01	1.39	183	3	3	0h	10h	131298	157777	189873	182015	262957	140138	158612	190056	194366	170532	187016	186712	187518	186577
AT5G48140.1	Pectin lyase-like superfamily protein	7.48E-01	18.93	26	1	1	2h	24h	10940	3953	129397	3823	62603	63404	8962	69824	123309	1790	76185	0	5152	1884
AT1G12240.1	ATBETAFRUCT4, VAC-INV - Glycosyl hydrolases family 32 protein	7.48E-01	1.34	465	8	8	2h	24h	714251	744370	673174	810762	540142	805325	409623	753803	685779	663219	608307	630380	441764	666236
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	7.48E-01	2.23	76	1	1	2h	4h	13031	15348	11583	32257	10929	8697	13699	8617	6147	28677	14183	9554	17039	25126
AT4G15000.1;ATG32220.1	Ribosomal L27e protein family	7.49E-01	2.06	64	2	2	6h	10h	17906	101377	131424	71804	103490	57538	176998	60664	78381	74909	50719	64661	60111	57953
AT2G25590.1	Plant Tudor-like protein	7.50E-01	39.73	31	1	1	8h	0h	6001	28647	125114	1381	834865	273372	83363	446418	1372786	3775	723903	4591	94819	13
AT2G14260.1;ATZG14260.2	PIP - proline iminopeptidase	7.50E-01	1.21	87	2	2	10h	6h	74755	87483	88234	83611	85085	82169	80946	79268	98801	75204	86096	107708	96884	80085
AT5G14200.1;ATG14200.2	ATIMD1, IMD1 - isopropylmalate dehydrogenase 1	7.53E-01	1.79	499	7	4	4h	24h	305516	222907	314035	173022	288630	326743	214439	379971	384121	161095	279487	204338	226068	117189
AT3G52880.2	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	7.54E-01	2.80	1317	17	1	2h	8h	4961	4293	17496	0	10729	5108	0	7079	2339	3917	5038	1825	10125	2584
AT3G12290.1	Amino acid dehydrogenase family protein	7.54E-01	1.17	592	10	10	8h	10h	1018319	1181025	1026915	1150647	1036026	1166984	962592	1223572	1204874	1241801	1077358	1020292	1079261	1210709
AT3G10220.1	tubulin folding cofactor B	7.56E-01	2.92	37	1	1	6h	0h	10843	430	14448	1307	8789	11664	12427	20540	19681	2356	8784	10972	18682	5528
AT1G19130.1	unknown protein	7.56E-01	1.24	97	3	3	24h	6h	317274	280738	264437	351157	235221	308000	222138	298027	266594	371718	291512	252308	327397	318122
AT4G14080.1	MEE48 - O-Glycosyl hydrolases family 17 protein	7.57E-01	11.05	21	1	1	8h	0h	0	996	3967	0	7802	997	2993	3536	5646	5369	2994	0	0	6440
AT1G03870.1	FLA9 - FASCICLIN-like arabinogalactan 9	7.57E-01	2.20	42	1	1	10h	0h	10528	952	10867	5107	9321	6999	8719	14072	11815	4026	18500	6735	6278	17120
AT4G10300.1	RmlC-like cupins superfamily protein	7.57E-01	2.38	70	1	1	10h	24h	370011	236908	461065	66096	476683	302559	323512	341663	441510	52949	400423	424614	258777	87221
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	7.58E-01	1.43	1632	24	22	2h	10h	23121708	14558328	22718843	15435541	16021199	18184183	18333229	13478438	22786516	14105866	10812035	15861992	10293318	17358414
AT4G31700.1;ATG31700.2	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	7.59E-01	4.27	287	5	1	0h	8h	7535	28931	25010	5124	13517	5072	17713	4287	5719	2826	4733	9701	6008	9708
AT2G23600.1	ACL, ATMES2, MES2, ATMES8, MES8 - acetone-cyanohydrin lyase	7.60E-01	1.18	409	6	6	0h	2h	679107	734805	552908	647898	650921	635426	702908	624049	658824	648431	647269	744374	591766	818486
AT2G27530.1	PGY1 - Ribosomal protein L1p/L10e family	7.60E-01	2.10	143	1	1	2h	10h	40034	120390	197462	96760	124684	82787	193095	61478	127907	104294	56786	83631	105046	62748
AT1G66200.1;AT1G66200.2;AT1G66200.3	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	7.61E-01	1.19	1906	25	6	0h	4h	5382800	5535295	3864350	5449146	4217685	4946741	4683015	4686072	4110599	5215100	4765191	5379130	4729322	5120168
AT4G36400.1	FAD-linked oxidases family protein	7.61E-01	1.93	53	1	1	24h	0h	10130	13670	13694	20733	11839	16567	14372	16788	9756	33592	12603	16502	18153	27683
AT3G04720.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	7.62E-01	2.80	80	1	1	24h	6h	99560	162664	62919	355645	41285	202400	67677	156058	76777	276666	105396	126897	269378	356992
AT1G64920.2;ATZG44920.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.63E-01	1.46	455	6	6	8h	10h	1965658	1264093	1697641	1502995	1672133	1222641	1411752	1981239	1348623	772683	1502549	1498748	1256384	
AT4G39120.1	IMPL2, HISN7 - myo-inositol monophosphatase like 2	7.63E-01	1.55	121	2	2	24h	4h	14739	20033	11622	26092	10960	13585	12504	12943	12608	15580	14328	11018	12206	25833
AT5G59160.1;ATG29400.1;AT2G39840.1	TOPP2, PPO - type one serine/threonine protein phosphatase 2	7.63E-01	5.91	34	1	1	24h	10h	2728	7301	0	13802	3244	3758	5287	3100	0	10739	2776	840	9226	12134
AT4G17190.1	FPS2 - farnesyl diphosphate synthase 2	7.63E-01	2.45	59	2	1	6h	0h	23321	92084	130282	75994	84836	54613	204962	77436	149738	44741	48609	83430	97163	57104
AT1G26420.1	FAD-binding Berberine family protein	7.64E-01	2.55	288	6	2	10h	8h	62309	22510	59147	4605	49399	36022	23249	32784	28237	6847	30160	59459	24346	28679
AT4G17090.1	CT-BMY, BAM3, BMY8 - chloroplast beta-amylase	7.64E-01	1.71	615	11	11	2h	10h	266900	580299	519230	600342	228265	569286	590190	492883	436834	507573	86839	567578	405932	414238
AT2G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	7.65E-01	1.81	83	2	2	4h	24h	43992	49382	84813	27792	63368	53948	51765	50411	80326	39333	50122	52872	41553	26425
AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	7.66E-01	7.23	46	1	1	24h	10h	1725	9718	1011	24445	4446	4703	8737	10826	615	20995	4447	1879	20587	25161
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	7.66E-01	6.01	20	1	1	8h	24h	33920	4209	39997	1008	25046	24886	30380	29215	59874	0	6592	17332	6806	3161
AT2G43100.1	IPMI2, ATLEUD1 - isopropylmalate isomerase 2	7.66E-01	3.80	185	4	2	4h	24h	22089	48517	12167	56584	75091	83984	11748	105232	19657	62940	35405	22733	32069	9844
AT4G22670.1	Athip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	7.67E-01	5.78	38	1	1	24h	10h	655	2084	3232	1734	1307	1199	0	2784	3622	776	243	682	44	5304
ATG61510.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	7.68E-01	1.28	61	1	1	8h	10h	100524	133915	103394	102757	119702	108471	89677	130170	123157	136837	123909	79810	112161	134464
AT2G23010.2;AT2G23010.1	SCP19 - serine carboxypeptidase-like 9	7.68E-01	2.06	200	4	4	10h	0h	147256	263962	108302	233663	131014	173352	82371	222162	131981	240641	125940	73258	86562	168591
AT4G13430.1	IIL1, ATLEUC1 - isopropyl malate isomerase large subunit 1	7.68E-01	1.16	575	9	9	2h	24h	1584602	1793736	1777773	1983245	1897198	1665572	1603931	2026898	2000465	1668463	1716655	1681625	1677261	1575158
AT5G10920.1	L-Aspartase-like family protein	7.69E-01	1.44	344	7	6	24h	6h	508126	600193	283274	586186	441996	450755	450144	335141	339051	557498	467314	406573	465573	661572
AT1G11870.1;AT1G11870.1	ATSRS, SRS - Seryl-tRNA synthetase	7.69E-01	1.84	70	2	2	2h	24h	108357	89191	199431	115545	165216	111588	87834	153579	228212	85745	150101	87402	57028	114407
AT1G04820.1;ATG14960.1	TUA4, TOR2 - tubulin alpha-4 chain	7.69E-01	2.12	208	3	1	2h	0h	34393	76937	150510	85574	118901	79431	78284	80122	123732	40180	110995	43798	22743	95753
AT5G57290.1	60S acidic ribosomal protein family	7.70E-01	1.63	32	1	1	6h	24h	14049	19539	14044	21257	15381	10450	25676	11456	12141	18383	16044	12071	10465	12150
AT3G27300.1	G6PD5 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 5	7.71E-01	2.22	185	4	3	24h	4h	8737	16126	4176	18403	5255	12364	13754	7529	5644	12944	8269	12669	16237	22880
AT5G60790.1	ATGCN1, GCN1 - ABC transporter family protein	7.72E-01	4.45	139	3	3	24h	6h	20100	28024	16621	61696	15417	31903	19269	24950	8590	74914	15964	29265	32798	164447
AT3G21750.1	UGT71B1 - UDP-glucosyl transferase 71B1	7.72E-01	4.04	94	1	1	4h	24h	5136	2393	11441	0	9215	5044	0	11155	6708	857	6858	6572	3528	0
AT2G38540.1	LP1, LTP1, ATLTP1 - lipid transfer protein 1	7.72E-01	1.55	192	4	4	0h	10h	3045805	1890152	2212261	2206706	1163410	2095058	2322197	1556119	1920295	1616040	1048790	2144798	1490376	2533773
AT3G23050.1	IAA7, AXR2 - indole-3-acetic acid 7	7.72E-01	7.84	21	1	1	0h	24h	101306	4540	81062	98	49282	41974	43426	38395	52044	589	30846	64098	12320	1181
AT2G32810.1	BGAL9 - beta galactosidase 9	7.73E-01	1.71	109	2	2	0h	10h	51808	65451	25068	67015	38091	44996	34656	39299	16569	57794	26172	42404	49047	58133
AT3G07870.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	7.74E-01	4.34	23	1	1	24h	8h	37142	19447	52215	21193	19536	30327	14817	29066	25047	13255	15757	39723	20647	145774
AT1G23490.1;ATG62290.1	ATARFA1A, ATARF1, ATARF, ARF1 - ADP-ribosylation factor 1	7.74E-01	1.96	380	8	1	2h	0h	137628	88120	201884	240389	79224	181787	101992	199621	144789	234962	129407	194110	222659	42464
AT4G39660.1	AGT2 - alanine:glyoxylate aminotransferase 2	7.74E-01	1.33	75	2	2	6h	10h	30369	47275	33133	35547	39948	31418	36928	49827	50643	34426	24437	41002	42711	42903
AT5G23700.1	unknown protein	7.76E-01	2.26	55	2	1	24h	2h	980	9720	325	8867	10846	7912	8320	5011	2618	14011	1337	8533	11241	9501
AT3G06350.1	EMB3004, MEE32 - dehydroquinate dehydratase, putative / shikimate dehydrogenase, putative	7.77E-01	1.25	155	3	3	4h	8h	132012	110936	122092	128437	139532	129612	101522	137131	125591	88868	127506	120168	128799	97145
ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	7.77E-01	1.24	246	3	3	0h	10h	1164235	1107758	1042321	1200884	1196921	1013405	998633	1079818	934451	1232578	806588	1020016	1215718	847862
ATCG00640.1	RPL33 - ribosomal protein L33	7.78E-01	3.27	31	1	1	24h	4h	24591	44889	6966	27299	11990	21483	22155	20710	12556	42519	25293	17234	16167	93287
AT1G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	7.78E-01	1.33	155	3	3	8h	24h	643179	728731	559114	752385	575374	669033	568359	561252	765469	655219	585771	751251	734300	335909
ATG45680.1	ATFKBP13, FKBP13 - FK506-binding protein 13	7.78E-01	2.06	173	4	3	24h	4h	230238	127493	108306	200337	109299	179875	202463	116877	102533	207529	124418	215075	177865	417807
AT1G04420.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	7.78E-01	1.43	467	9	9	8h	24h	1218032	819266	825333	862818	828232	831763	830064	867167	1502616	779735	973080	669263	848278	743634
AT1G78850.1	RPS17, CS17, PRPS17 - ribosomal protein S17	7.79E-01	1.46	358	5	5	24h	4h	437673	858848	764626	437668	570595	564813	555410	612920	890378	616178	774022	489020	833763	824308
AT5G65220.1	Ribosomal L29 family protein	7.79E-01	1.39	296	2	2	0h	6h	703390	1270288	772330	722883	922444	697749	823228	598423	812950	906455	967868	637212	961258	945308
AT2G05915.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	7.80E-01	1.58	24	1	1	0h	24h	29828	32723	26886	15297	26056	31468	16025	33244	33369	18570	24464	23650	26846	12820
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	7.80E-01	1.30	373	8	8	2h	24h	509891	385164	533165	374910	456526	407410	430423	397814	482456	304606	364545	405742	369565	327824
AT1G44835.1;ATG44835.2	YbaK/aminoacyl-tRNA synthetase-associated domain	7.81E-01	3.59	24	1	1	24h	8h	1716	2946	2409	1434	2541	1999	1492	2667	957	1755	912	2201	1338	8393
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	7.81E-01	1.52	82	1	1	8h	4h	163946	130470	97570	189708	115748	113939	109968	129860	217350	131874	126101	186150	155102	81788
AT4G00100.1	ATRPS13A, RPS13, PFL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	7.81E-01	1.91	232	4	1	2h	10h	28042	75362	98369	47626	62795	44541	85859	46213	41213	49427	31936	44475	33512	57524
AT2G23740.2	nucleic acid binding;sequence-specific DNA binding transcription factors;zinc ion binding	7.81E-01	2.64	21	1	1	24h	6h	37900	19705	26934	66359	43623	41843	25831	24321	16577	99910	53265	47040	38274	94003
AT4G25080.1	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	7.82E-01	2.01	92	2	2	0h	24h	29197	13170	21854	12600	15169	18308	19401	15188	14257	7536	3156	22766	15819	5232
AT5G63630.1	GS2, GLN2, ATGSL1 - glutamine synthetase 2	7.82E-01	1.28	3680	41	34	0h	24h	104680106	100717502	74763050	109452263	93353655	86182479	92861483	79889212	77068476	103895490	83237427	100363319	77197283	82764628
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	7.82E-01	1.80	371	7	7	6h	10h	388485	1282747	1156816	835507	860943	667473	1518819	809312	1143199	822494	558085	733615	816664	1133864
AT1G78820.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding dom

ATCG00420.1	NDHJ - NADH dehydrogenase subunit J	7.82E-01	3.32	61	1	1	0h	8h	13392	13937	553	13953	4699	9188	13585	5322	2327	5911	1363	11403	6802	9824
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	7.82E-01	1.36	223	5	5	2h	10h	328492	362513	412537	300442	372239	283928	367947	339981	308625	315067	222016	302617	421782	232726
AT2G47630.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.82E-01	2.05	32	1	1	24h	2h	82624	48101	106455	9699	89019	65356	67782	140867	114878	11534	88582	59872	148935	88642
AT4G19301.1	ATRL2, RL12 - RNAse I inhibitor protein 2	7.83E-01	1.28	171	4	4	24h	2h	91798	156408	103843	127828	138866	122644	129102	136124	117752	125309	105196	133947	148660	147098
AT2G19730.1;AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family	7.84E-01	1.71	308	5	5	6h	10h	179290	434833	707922	286700	484241	309672	692911	323947	452507	435002	245760	348735	343554	338970
AT3G15520.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	7.84E-01	1.41	669	11	11	24h	6h	767613	642794	594321	824051	568798	653312	638900	557476	542008	858935	639306	605353	633981	1047212
AT5G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	7.85E-01	2.17	101	2	1	8h	4h	18183	6586	12740	12932	1500	12359	10539	9179	21390	8679	1262	15165	10451	7100
AT5G26830.1;AT1G17960.1	Threonyl-tRNA synthetase	7.85E-01	1.41	412	7	7	4h	0h	230927	256823	341629	259325	392430	297614	299195	337558	399304	230996	300273	272289	334158	198527
AT2G35040.1	AICARFT/IMPCHase bienzyme family protein	7.86E-01	1.42	500	10	10	0h	10h	801943	1059608	535588	1057121	674388	712284	800225	573030	588439	902182	646504	668188	760447	992422
AT4G00940.1	MEE51 - Phosphofructokinase family protein	7.89E-01	1.39	362	7	4	2h	0h	131998	194875	199643	254550	272377	179009	226941	159257	130840	239352	244632	198918	193706	193104
AT5G65460.1	KCA2, KAC2 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 2	7.89E-01	1.57	55	2	1	6h	8h	189193	163408	232481	82285	213167	175808	216738	229107	200453	84269	185089	168156	178876	144426
AT2G45710.1;AT5G47930.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	7.90E-01	1.70	68	1	1	2h	0h	64637	186152	287756	139586	145309	167675	211345	149087	188191	127417	111007	161171	156689	144566
AT1G62430.1	ATCDS1, CDS1 - CDP-diacylglycerol synthase 1	7.90E-01	9.73	24	1	1	24h	2h	4896	4965	2398	3739	2587	6657	7384	1417	643	11848	3893	5654	4288	55405
AT4G29680.1	Alkaline-phosphatase-like family protein	7.90E-01	1.62	117	2	2	0h	10h	73690	89151	47164	109282	50680	63942	56150	70503	40044	89418	45890	54465	63253	92563
AT1G61220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.91E-01	1.22	372	6	5	4h	8h	372485	432647	446684	417237	500440	436328	401508	394687	294907	473835	393696	442321	413784	372527
AT2G31610.1;ATSG35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	7.91E-01	4.85	356	7	2	2h	24h	4397	16347	48652	2886	24705	13928	22587	20438	20388	2047	8460	11078	7531	3095
AT5G56260.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	7.91E-01	1.23	21	1	1	2h	24h	12251	15322	12464	15755	13746	11873	14737	12068	11306	13830	11479	13850	12036	10926
ATSG16390.1;ATSG15530.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	7.91E-01	1.49	256	5	4	24h	10h	547508	603808	546373	774463	568117	486055	645218	411374	438517	830909	541225	432332	561510	891706
AT1G08980.1	ATAMI1, AMI1, ATTOC64-I, TOC64-I - amidase 1	7.92E-01	1.23	419	8	8	0h	6h	694813	642176	475913	727499	538130	559805	558748	530935	452321	660567	575598	549077	563616	760275
AT1G11910.1;AT1G62290.1	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	7.92E-01	2.25	103	2	2	24h	10h	29568	98791	52614	49804	42135	60465	52397	72138	28473	99657	25221	36393	52964	85515
AT4G27560.1;AT4G27570.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	7.93E-01	1.65	118	3	3	24h	6h	171574	232727	148358	220403	154081	153941	123708	154262	115006	285452	176836	153426	170669	287744
AT4G19710.1	AK-HSDH II; AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	7.93E-01	2.18	207	6	2	4h	24h	7510	5555	10953	2533	15386	7851	11021	11209	15939	891	11517	11530	8291	2390
AT4G14150.1	PAKRP1, KINESIN-12A - phragmoplast-associated kinesin-related protein 1	7.94E-01	1.97	44	2	1	8h	4h	52637	75829	9863	66622	32857	39551	88823	48022	101095	41670	91199	22517	49731	35062
AT1G12250.1	Pentapeptide repeat-containing protein	7.95E-01	1.64	118	2	2	0h	24h	107673	99112	104711	54549	59860	105480	72225	99644	104931	76817	44304	100099	71160	54985
ATSG12200.1	PYD2 - pyrimidine 2	7.95E-01	2.59	40	1	1	8h	10h	9598	16297	2819	20784	2740	10070	12781	10159	7196	21203	4157	6826	6677	20319
AT4G29590.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	7.95E-01	1.56	173	3	3	2h	24h	116717	87311	183173	82746	122906	118233	84592	108201	143590	94819	101214	115067	99123	71793
AT4G35263.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	7.96E-01	3.61	22	1	1	24h	6h	44326	42898	31513	163626	33492	69471	25290	39011	19684	150025	51500	41077	66946	166056
AT4G03200.1	catalytics	7.96E-01	3.06	29	1	1	4h	24h	18621	9072	20313	2142	19382	23379	20050	22666	36833	1243	15486	19163	10560	3420
AT3G63540.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	7.96E-01	1.22	594	8	8	0h	24h	1849236	1354587	1618263	1534853	1230764	1622519	1360160	1411563	1535062	1408361	1194617	1549415	1465773	1158170
ATCG00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	7.97E-01	1.55	72	1	1	0h	4h	188660	352725	187428	195181	192442	157129	241330	196597	278078	227572	306889	128465	289389	214990
AT4G34230.1	CAD5, ATCAD5, CAD-5 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 5	7.97E-01	4.18	338	6	3	8h	10h	20510	53276	13188	56111	16816	31386	9711	31670	15155	100528	15001	12668	25207	61488
AT1G04410.1;ATSG56720.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	7.98E-01	1.15	1314	19	7	0h	4h	7880278	7645553	6338678	7944128	7063216	6475193	6458406	7970104	7140548	7235651	6957360	8346012	7390647	7902946
AT3G24495.1	MSH7, MSH6-2, ATMSH7 - MUTS homolog 7	7.98E-01	4.90	24	1	1	2h	24h	3551	651	8872	159	1525	3375	126	7622	3970	0	805	2603	1843	0
AT1G68060.1	ATMAP70-1, MAP70-1 - microtubule-associated proteins 70-1	7.98E-01	3.25	22	1	1	8h	24h	64563	33789	156708	23929	97937	61816	87045	113343	210654	3936	109445	64656	63713	2287
AT3G16400.1;AT3G16390.1;AT3G16410.1	ATMLP-470, NSP1, ATNSP1 - nitrile specifier protein 1	7.99E-01	4.74	413	8	6	2h	24h	257767	401120	2431758	294315	1511536	859460	262092	900415	2343479	300738	1290383	107882	305333	269718
AT2G26670.1	HY1, ATHO1, HO1, TED4, GUN2, HY6 - Plant haem oxygenase (decyclizing) family protein	7.99E-01	5.85	106	3	1	2h	24h	13245	6281	46827	6072	7299	5891	7633	7838	36483	3178	8532	7070	7219	1823
ATSG09510.1;AT1G04270.1;ATSG09500.1;ATSG	Ribosomal protein S19 family protein	7.99E-01	1.71	243	4	4	6h	24h	114760	284952	341305	155555	226675	149735	292724	221888	240915	160114	128004	196285	161034	140123
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	7.99E-01	1.76	71	2	2	0h	10h	42925	57826	21469	59335	35282	38073	36952	40919	22722	44173	19967	37206	52365	33771
ATSG45170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	8.01E-01	1.26	96	2	2	8h	10h	283004	271089	306826	241810	276580	204977	301867	159252	312785	265564	228889	228901	304922	235404
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	8.02E-01	1.49	160	4	4	24h	4h	315217	727637	630142	470610	462522	424390	558148	386132	695014	537333	634621	428798	740952	578597
AT4G09730.1	RH39 - RH39	8.02E-01	2.45	45	2	1	6h	10h	887	4006	4855	1863	3964	3031	8843	2514	2593	3337	1546	3086	1639	3005
AT4G36195.1;AT4G36190.1;AT4G36195.2	Serine carboxypeptidase S28 family protein	8.03E-01	1.52	281	5	5	2h	10h	192577	213505	130023	288063	137783	204991	167669	219867	157161	259035	155938	119115	179706	228534
AT1G78630.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	8.03E-01	1.33	702	8	8	24h	2h	1250021	1620484	1348155	924004	1299895	1097499	1271630	1062013	1373545	1204432	1764976	971820	1655093	1365284
AT5G19590.1;ATG15950.2	NAI2 - DNA topoisomerase-related	8.04E-01	3.95	39	1	1	2h	10h	3607	12371	891	20329	1573	5479	9493	0	17655	4246	2503	5370	0	6074
AT2G09990.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	8.04E-01	2.56	184	4	1	6h	10h	1355	19820	16504	5777	17228	8700	27731	12616	12596	4532	7452	8328	15661	11514
AT1G09590.1	Translation protein SH3-like family protein	8.04E-01	2.39	123	3	3	2h	0h	19740	49015	136746	27532	77304	58502	99250	62557	94130	24720	49713	58191	49223	36935
ATSG34850.1	ATPAP26, PAP26 - purple acid phosphatase 26	8.05E-01	1.40	555	12	12	0h	6h	1379671	1194410	749606	1585309	864389	1034001	918165	917226	782310	1265968	911232	963283	992228	1392820
AT1G54220.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	8.05E-01	6.48	124	2	1	4h	8h	4843	996	10135	206	12160	4852	691	7272	1993	633	6011	3735	2472	2700
AT1G62910.1	APG3 - Peptide chain release factor 1	8.06E-01	7.32	63	1	1	10h	24h	2949	55731	0	60577	14990	10523	40863	14749	0	43373	5620	2653	9025	28259
AT4G39260.1;AT4G39260.2;AT4G39260.4	CCR1, ATGRP8, GR-RBP8, GRP8 - cold, circadian rhythm, and RNA binding 1	8.07E-01	2.14	494	8	6	24h	4h	584963	426516	319155	672043	42185	566463	788822	499932	510557	371969	28676	1035572	710087	595302
AT4G34980.1	Ribosomal protein S14p/S29e family protein	8.07E-01	2.43	87	2	2	6h	24h	18216	19532	42233	6916	25510	28734	55478	33223	37504	8246	17045	35450	23726	12793
ATSG14320.1;ATSG14320.2	Ribosomal protein S13/S18 family	8.07E-01	1.45	272	5	4	24h	4h	256183	511311	327985	305432	338188	244073	407664	272079	490746	339854	419345	275206	389199	455006
AT3G54210.1	Ribosomal protein L17 family protein	8.09E-01	2.11	135	3	1	10h	2h	68100	41822	70901	2658	58395	66052	53144	48876	95394	776	99560	55597	86572	7277
AT1G27970.2;AT1G27970.1	NTF2B - nuclear transport factor 2B	8.09E-01	1.96	33	1	1	8h	24h	12310	16007	24082	2452	19661	15399	16345	9298	21387	21256	13484	12766	17587	4216
AT4G13170.1;ATSG07110.1;AT3G24830.1	Ribosomal protein L13 family protein	8.10E-01	3.01	63	2	2	2h	24h	13948	52772	160854	32377	54529	47458	78571	40988	85927	30598	24892	66158	33239	30987
AT3G55040.1	GSTL2 - glutathione transferase lambda 2	8.10E-01	1.88	568	8	8	4h	24h	629875	317336	776891	334898	617828	562560	361329	494707	776923	280131	589899	461487	338866	289522
AT3G15790.1	MBD11, ATMBD11 - methyl-CPG-binding domain 11	8.10E-01	4.25	48	2	1	4h	24h	14159	0	7286	0	5401	14695	3655	8432	8488	0	1051	6120	2602	2127
ATCG00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	8.10E-01	1.42	191	4	4	6h	10h	396740	456840	473216	249405	343572	376223	431346	460883	515338	282006	257795	371641	403016	388814
AT3G44310.1;AT3G44310.2;ATSG22300.1	NIT1, ATNIT1, NITI - nitrilase 1	8.11E-01	1.34	1386	18	10	8h	6h	6167385	7505782	5372789	7542096	6080572	7019503	4939881	6565202	6419001	8992509	6035485	5875606	5232859	7675433
AT4G08180.1	ORP1C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 1C	8.11E-01	2.16	25	1	1	24h	4h	51640	80859	28814	96443	17709	43636	50011	55340	30457	89824	29004	86135	59332	73427
AT4G21380.1	ARK3, RK3 - receptor kinase 3	8.11E-01	2.34	26	1	1	4h	24h	34887	1714	36314	363	23356	36119	18948	37926	33747	872	18457	22963	25305	71
AT2G39030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	8.12E-01	5.48	30	1	1	8h	2h	3321	8049	1482	3745	4071	6069	3279	3991	2690	25935	4301	6416	2791	24467
AT5G39740.1;AT3G25520.2	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	8.12E-01	12.44	102	2	1	24h	10h	1014	36853	829	7853	723	3138	27832	1427	1954	11913	524	2927	3594	39333
AT5G24770.1;ATSG24770.2	VSP2, ATVSP2 - vegetative storage protein 2	8.12E-01	3.17	677	9	6	8h	10h	1131069	2792215	1289251	3851411	880997	2468571	653774	2149323	1309731	5867883	1476628	787644	654719	1803373
AT4G27090.1;ATG20450.1	Ribosomal protein L14	8.13E-01	2.03	122	3	2	6h	10h	31357	97080	118232	51017	72990	47438	123064	60922	71076	52510	33274	57471	70584	65579
AT4G28800.1;ATSG25800.2	PDF1, PR 6S, PF2A2 - protein phosphatase 2A subunit A2	8.13E-01	2.51	178	3	3	24h	10h	2784	21767	9953	20377	15730	7952	9917	19096	17893	13447	4697	14647	24870	13704
ATG10520.1	AHB2, GLB2, ARATH GLB2, NSHB2, ATGLB2, HB2 - haemoglobin 2	8.13E-01	1.26	320	6	6	2h	10h	430244	478915	572217	494303	555892	361302	546037	447565	575823	417661	388767	456238	473305	390812
ATSG26710.1	Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ic	8.14E-01	1.77	44	2	2	24h	0h	5913	9976	6402	11503	15302	8241	11452	6091	4140	13486	5851	10821	12443	15626
AT1G06000.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	8.15E-01	1.56	110	4	3	6h	2h	23889	56850	17411	38331	23785	35955	43416	43470	30861	39198	29719	34108	30724	40525
AT1G48420.1	D-CDES, ATACD1, ACD1 - D-cysteine desulfhydrase	8.15E-01	1.18	562	8	8	8h	10h	505519	404519	430918	492131	462647	433966	394358	495203	467406	506103	434453	387815	431611	508056
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	8.15E-01	1.25	1867	23	20	10h	6h	9016132	7870401	9701863	6899136	8790268	8226718	8614892	7080067	10620189	6860689	8936773	10657159	9118434	10197459
ATSG19050.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.15E-01	4.65	24	1	1	24h	0h	9348	16927	12022	84418	18434	22703	28402	20810	10186	93494	31054	14133	26714	95337
AT2G29420.1	ATGSTU7, GSTZ5, GSTU7 - glutathione S-transferase tau 7	8.16E-01	1.74	22	1	1	0h	10h	123633	184719	53377	158141	85519	117750	99672	124478	88937	165361	86253	91449	97303	150776
ATSG42850.1	Thioredoxin superfamily protein	8.16E-01	1.97	28	1	1	6h	10h	7678	4919	12011	1400	9925	13042	9679	13511	13093	5165	5069	6693	12884	1520
AT3G04810.1	ATNEK2, NEK2 - NIMA-related kinase 2	8.16E-01	4.44	22	1	1	4h	0h	121870	72670	407741	87496	671481	192544	123865	232845	563113	84220	553917	105942	141718	136273
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	8.16E-01	1.75	55	1	1	2h	10h	26348	20122	20900	35966	6184	34056	26059	23223	32780	19816	3345	29097	21686	17617
AT1G75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	8.17E-01	1.42	343	6	6	8h	4h	303339	719476	421249	411190	427901	397646	590490	462483	568598	602769	570544	397440	572669	474118
AT1G74230.1	GR-RBP5 - glycine-rich RNA-binding protein 5	8.17E-01	1.86	36	1	1	2h	4h	1526	1833	3533	1089	1136	1347	2553	1621	2002	778	1625	1507	2502	1590
AT4G26940.1	Galactosyltransferase family protein	8.17E-01	1.31	21	1	1	2h	24h	219465	156200	252918	167905	207950	204837	141640	211852	203475	138599	186337	142854	164192	158246
AT1G72610.1	GLP1, ATGER1, GER1 - germin-like protein 1	8.17E-01	3.51	150	3	3	8h	10h	426610	1146845	321005	863691	384529	720703	265855	683896	438120	1585615	318415	258283	273818	1243432
AT3G53430.1;AT2G37190.1	Ribosomal protein L11 family protein	8.17E-01	1.84	137	3	3	2h	10h	271315	651506	1213097	447168	603356	516127	925390	497167	719734	439557	366731	537192	569533	655421
AT1G21580.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	8.18E-01	2.44	27	1	1	4h	24h	9876	4926	8263	4942	5085	11972	5063	10680	9294	2678	2714	9228	4551	2431
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	8.18E-01	1.99	764	10	10	2h	24h	22048	21801	41399	24811	39158	24962	13018	43805	34740	11015	26430	16963	25097	8167
AT4G30270.1	MERI5B, MERI-5, XTH24, SEN4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 24	8.19E-01	5.05	62	1	1	2h	6h	22784	23234	3133	45488	2117	23145	1511	8124	6315	21030	8089	6137	18324	837
AT1G60950.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	8.19E-01	1.47	114	2	2	2h	6h	909723	735608	852802	1168545	979020	805718	716729	659623	782031	1177400	1214951	677060	715103	1155722
AT4G22930.1	PYR4, DHOASE - pyrimidin 4	8.19E-01	1.34	254	4	4	0h	4h	264589	169685	224636	170341	150751	174335	171534	179947	206391	137325	190988	156978	210618	171871
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	8.19E-01	2.19	70	2	1	8h	6h	8339	4721	2527	6136	1697	6449	475	5533	4766	8416	911	7854	3375	3866
AT1G07250.1	UGT71C4 - UDP-glucosyl transferase 71C4	8.19E-01	1.27	145	2	2	0h	2h	35561	57130	39880	33019	38332	42137	42741	38534	43974	41528	35838	43134	40078	34875
AT1G10200.1	WLIM1 - GATA type zinc finger transcription factor family protein	8.21E-01	2.06	24	1	1	4h	24h	34371	28781	20119	20224	4056	26528	31578	22595	17833	15779	2055	41681	18242	24269
AT1G80410.2;AT1G80410.1	EMB2753 - tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	8.21E-01	1.61	206	3	3	8h	10h	27476	36675	44488	24028	24580	40331	32217	43332	55586	29688	5770	47056	49943	31497
AT3G17360.1	POK1 - phragmoplast orienting kinesin 1	8.21E-01	1.44	20	1	1	6h	24h	56832	105280	82906	97947	88161	92166	83434	127015	51580	98861	90336	61633	77078	69384
AT4G05090.1	Inositol monophosphatase family protein	8.22E-01	1.69	67	1	1	24h	8h	17881	25632	15154	28616	20117	18782	18210	22569	12213	21745	16594	24559	20150	37106
ATCG00900.1	RPS7.1, RPS7 - Ribosomal protein S7p/S5e family protein	8.22E-01	1.36	257	6	5	10h	4h	226073	495893	396153	305516	313920	256122	375147	272275	272001	307850	392292	382051	388350	353511
AT4G33090.1	APM1, ATAPM1 - aminopeptidase M1	8.22E-01	1.09	1027	18	18	24h	6h	1432054	1333211	1380856	1352563	1392710	1234303	1347541	1204019	1399384	1324644	1351087	1204242	1263141	1523580
AT5G62160.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	8.23E-01	4.89	44	2	1	8h	10h	0	3784	686	6857	3314	2015	2837	0	8587	758	999	1497	6798	
AT1G20950.1;AT1G76550.1	Phosphofructokinase family protein	8.23E-01	1.37	258	7	7	4h	0h	183237	193609	272474	163372	282752	233502	228877	170981	303527	197326	219118	271831	266129	145403
AT3G10940.1	dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	8.23E-01	4.65	132	2	2	8h	24h	40429	44543	32997	50831	41381	56331	80481	30904	30979	311033	44087	40134	27632	45956
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	8.23E-01	1.24	1308	18	17	24h	10h	12381491	14442033	12451784	15365446	13033662	12312639	13040093	12817696	11273793	14950951	12852108	12019349	12704260	18139756
ATSG16130.1	Ribosomal protein S7e family protein	8.24E-01	2.04	47	2	2	2h	10h	42557	108430	221952	65184	117063	82844	146980	96697	120007	46705	52949	87913	80091	79260
AT4G38225.3;AT4G38225.2	unknown protein	8.24E-01	1.80	70	2	2	0h	4h	236819	301097	71577	255140	138089	161036	185216	137838	81840	251545	140643	191589	150027	165237
ATSG60160.1	Zn-dependent exopeptidases superfamily protein	8.25E-01	1.28	166	3	3	8h	6h	247259	236485	180901	270395	199420	241562	177366	216571	202961	302201	225311	202770	243765	230883
AT2G17120.1	LYM2 - lysm domain GPI-anchored protein 2 precursor	8.26E-01	1.42	115	3	3	24h	6h	89543	49541	63439	116211	61458	75227	56901	76538	70958	92770	91795	56898	82448	107514
AT2G30690.1	Protein of unknown function, DUF593	8.26E-01	7.77	49	2	2	8h	24h	30148	8667	72170	3208	77126	45950	17209	31075	167128	9539	56480	15428	15100	7649
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	8.27E-01	1.33	2427	31	10	8h	24h	26200481	29379048	39006776	25661681	30805199	30158511	30392574	31105128	40609016	25100831	30168714	28359349	29747885	19628224
AT2G17130.1	IDH2, IDH-II - isocitrate dehydrogenase subunit 2	8.27E-01	1.89	148	3	1	24h	10h	2222	7411	2472	6057	4312	4948	4910	6586	4724	3606	1977	4723	8066	4618
AT1G21350.2	Thioredoxin superfamily protein	8.28E-01	1.34	145	3	3	2h	8h	150884	165071	183836	162035	131597	162091	155963	164215	246391	144018	138044	159981	182435	109306
AT2G38320.1	TBL34 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 34	8.28E-01	37.41	25	1	1	2h	24h	4931	1140	28300	165	8471	4790	601	10378	6047	224	3826	903	570	191
AT2G42740.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	8.29E-01	1.58	73	2	2	2h	10h	88055	147326	193010	157418	140968	113511	227679	83361	135783	133265	95443	126022	128353	136281
AT1G52510.1;AT1G52510.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.30E-01	1.35	496	7	7	6h	10h	599319	647894	582337	491492	483656	625611	698815	637430	666800	546023	252688	737784	534194	503910
AT3G61120.1	AGL13 - AGAMOUS-like 13	8.31E-01	Infinity	21	1	1	6h	4h	0	104	0	520	0	0	24018	0	0	13	0	0	0	178
AT2G20860.1	LIP

AT3G48690.1;AT3G48700.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.32E-01	1.28	610	9	9	8h	24h	664397	858598	579656	873789	700429	769048	657207	871103	762037	1025522	748525	653924	706442	687366
AT1G14030.1	Rubisco methyltransferase family protein	8.32E-01	2.13	88	1	1	2h	6h	5868	3916	2313	7897	2767	4350	3406	1378	1243	5695	3651	5855	2692	4701
AT4G11010.1;AT4G23895.3	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	8.33E-01	1.30	470	7	7	0h	4h	1776049	1578786	996638	1831946	1026142	1555395	1361545	1457935	1275523	1899940	1188163	1422221	1432084	1875254
AT2G40960.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	8.34E-01	2.14	74	1	1	24h	10h	2788	10621	2187	7330	8464	6975	4213	8494	4835	10966	1581	7283	5407	13600
AT5G02870.1;ATSG02870.2	Ribosomal protein L4/L1 family	8.35E-01	2.36	513	13	4	6h	10h	34069	78093	91793	30492	52847	47535	146832	50097	62433	53425	24979	58483	52789	43248
AT1G25490.1	RCN1, REGA, ATB BETA BETA, EER1 - ARM repeat superfamily protein	8.35E-01	1.82	97	2	1	8h	0h	370	3577	1896	4525	3292	1751	3968	2924	1738	5459	2271	2383	5033	1846
AT5G57440.1	GS1, GPP2 - Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	8.35E-01	1.78	30	1	1	2h	0h	44616	29077	44624	86718	49264	54828	39130	39040	20711	93120	52335	56820	51059	75063
AT4G31615.1	Transcriptional factor B3 family protein	8.35E-01	2.89	28	1	1	6h	24h	25404	10837	41751	6197	17359	16430	18352	47279	40411	14241	9836	31341	19611	3091
AT3G10920.1	MSD1, MEE33, ATMSD1 - manganese superoxide dismutase 1	8.35E-01	1.24	697	9	9	8h	10h	2418780	2891867	2137450	2803195	2403034	2373795	2583587	2316339	2200573	3217775	2029778	2348567	2830024	2380360
AT5G65940.1	CHY1 - beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1	8.36E-01	1.65	62	1	1	0h	2h	5755	2663	3671	1422	2811	3255	4360	3859	4331	1591	2560	3423	2438	3610
AT5G16050.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	8.36E-01	1.31	672	11	3	24h	8h	406667	521952	366537	615965	463027	339798	436220	376477	293687	463357	471536	309753	454210	537878
AT5G22770.1	alpha-ADR - alpha-adaptin	8.37E-01	1.45	21	1	1	24h	8h	6961	7222	11047	5109	9153	7152	8119	7707	6251	6001	5734	7911	7138	10607
AT2G36160.1;AT3G52580.1	Ribosomal protein S11 family protein	8.37E-01	1.64	288	4	4	2h	0h	150938	508716	709318	371696	480384	371761	614134	345414	492392	323023	308499	402892	409191	356398
AT5G47210.1;ATG16830.2;ATSG47210.2;ATSG	Hyaluronan / mRNA binding family	8.37E-01	3.26	513	10	8	6h	4h	530195	134545	71947	528557	5668	336195	723789	390874	165509	256995	2978	1101967	544461	326370
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	8.38E-01	1.83	92	2	2	24h	4h	13245	37801	18354	36991	16683	22582	34014	23116	18015	39097	27613	30256	38821	33106
AT2G37500.2;ATZG37500.1	arginine biosynthesis protein ArgJ family	8.38E-01	1.42	28	1	1	10h	6h	43652	22963	40732	23861	33148	36282	31484	26156	38410	31477	38921	42843	35034	28540
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	8.38E-01	1.19	533	8	8	0h	4h	804118	730265	611668	881877	719186	573788	714117	624248	672556	807271	691291	650762	665916	769740
AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	8.39E-01	1.57	547	9	8	2h	6h	485976	445395	942227	413181	362091	550826	427568	433282	726849	421672	498821	565673	509584	401767
AT4G01900.1	PII, GLB1 - GLNB1 homolog	8.40E-01	1.31	147	3	3	0h	4h	336454	322364	229515	327195	264043	238768	286866	260411	199947	318237	261579	242880	201825	331044
AT1G34630.1	unknown protein	8.40E-01	2.17	21	1	1	0h	10h	43992	110892	5359	81498	5479	69552	53304	79608	33347	65579	68303	3035	58559	26591
AT3G01910.1;ATG01910.2;AT3G01910.3	SOX, AT-SO, AtSO - sulfite oxidase	8.41E-01	1.17	368	7	6	0h	10h	381578	409697	313776	445259	316323	379740	338179	388134	353045	369898	344591	334609	318605	363289
AT5G67360.1	ARA12 - Subtilase family protein	8.41E-01	1.40	362	7	7	0h	6h	637118	567678	365438	695995	398761	524552	378667	479425	442428	743496	491738	570664	367330	576527
AT5G58590.1	RANBP1 - RAN binding protein 1	8.41E-01	2.94	106	2	1	2h	8h	81535	43704	39396	143303	52262	38762	24351	40154	34190	27912	92944	52441	13311	146835
AT1G15270.1	Translation machinery associated TMA7	8.42E-01	10.84	39	1	1	2h	10h	5407	20276	0	60425	1647	6471	29279	6422	3843	13704	2938	2635	4120	16754
AT2G24580.1	FAD-dependent oxidoreductase family protein	8.42E-01	1.36	54	1	1	0h	6h	56472	71163	42892	53434	42777	61656	37237	56688	50111	52362	34420	64846	56431	54292
AT3G62370.1	heme binding	8.44E-01	1.21	27	1	1	10h	24h	877153	874239	1029267	913360	1113270	823880	1039130	597387	1038725	794327	912805	1066279	807464	824548
AT5G61130.1	PDCB1 - plasmodesmata callose-binding protein 1	8.44E-01	2.56	90	1	1	2h	24h	115329	65030	185685	50304	139746	78987	89988	53634	162978	28773	140906	73937	61337	39806
AT3G49010.1;AT3G48960.1;AT3G49010.4;AT3G	ATBBC1, BBC1, RSU2 - breast basic conserved 1	8.45E-01	1.76	175	4	4	2h	10h	75331	306894	385686	189992	268988	153240	369297	190551	224744	191916	130374	197362	178446	180594
AT4G23670.1;ATG14950.1;AT2G01520.1;AT2G	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	8.45E-01	1.27	1029	21	19	8h	6h	10957282	8062548	8594509	8079126	8588303	10271698	9498922	6204031	10439758	9496282	10621875	6433531	8221452	8525783
AT1G49975.1	unknown protein	8.47E-01	2.46	61	1	1	0h	10h	2453	1540	2826	843	372	2455	58	3199	2055	1341	55	1567	1568	438
AT3G53900.2;ATG53900.1	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	8.47E-01	1.25	305	8	8	2h	0h	433293	379100	540198	472031	509879	413349	486708	398133	576543	405126	454864	473379	511235	365179
AT3G59970.3;ATG59970.1	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	8.48E-01	1.15	1634	29	21	24h	6h	3238643	3997423	3155230	4216946	3485619	3569787	3226162	3678992	4021480	3876883	3299673	4110411	4090175	3867306
AT5G23440.1	FTRA1 - ferredoxin/thioredoxin reductase subunit A (variable subunit) 1	8.48E-01	19.42	23	1	1	0h	4h	7944	7057	0	2834	772	0	8619	0	0	4125	0	3067	1906	4247
AT1G23310.1;ATG23310.2	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	8.49E-01	1.11	3189	42	21	24h	6h	20591806	18135195	18450110	21598397	20836262	19005793	19714438	18202740	20239652	20630983	21551244	19870048	19263127	22985450
AT3G22200.1	POP2, GABA-T, HER1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	8.49E-01	1.58	663	11	11	2h	6h	1342366	1439006	1116085	2553567	1299398	1462769	981582	1341285	1090722	2136405	1261982	1220497	1351536	2080911
AT4G26900.1	AT-HF, HSN4 - HIS HF	8.49E-01	1.18	412	8	8	6h	24h	187631	260251	233741	224850	236223	237133	241210	274590	259339	193611	231768	247150	226553	210457
AT3G44620.2;AT3G44620.1	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	8.49E-01	1.74	125	3	3	8h	10h	224644	130243	281301	143049	151066	229985	159829	210759	298497	128925	131215	202762	162141	83410
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	8.49E-01	1.40	184	3	3	8h	10h	164519	213646	233026	175509	218029	191635	207812	216833	289912	164325	156796	167251	255212	156038
AT1G20620.1;AT1G20620.2;AT1G20620.4;AT1G	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	8.50E-01	1.31	1715	26	19	8h	10h	20156272	26794674	22756487	29209515	19580095	25694777	16224751	28732114	26180123	28314424	24947048	16540634	22007861	21938236
AT3G55260.1	HEXO1, ATHEX2 - beta-hexosaminidase 1	8.50E-01	1.88	88	3	3	2h	10h	66122	73733	46831	121526	46056	52171	68717	44283	32102	95940	49578	40178	50651	108280
AT4G37420.1	Domain of unknown function (DUF23)	8.50E-01	6.27	31	1	1	2h	10h	0	16652	2355	29236	8176	1284	11146	1178	0	23552	3560	1481	3943	10036
AT1G79230.1	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1, STR1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	8.50E-01	2.19	111	3	1	8h	10h	15943	11746	35425	12802	12417	21113	15503	27853	45046	12887	7164	19264	13703	21037
AT3G45030.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	8.51E-01	1.36	133	4	2	6h	8h	293286	338647	364164	301747	317783	301252	398735	293102	270153	240076	251829	319244	187005	397059
AT1G17540.1	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	8.51E-01	Infinity	25	1	0	0h	4h	0	105772	0	0	0	149046	0	20522	16	117339	0	10717	10467	0
AT4G23600.1;AT4G23600.2;AT4G23600.3	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	8.52E-01	1.76	1545	22	22	8h	10h	14977521	19245794	10498292	17811891	9110495	21281220	6771128	21157360	14604576	25261963	12496888	10136913	7735955	14989764
AT1G44820.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	8.52E-01	2.69	38	1	1	2h	0h	9595	16896	13987	57286	22455	28712	18691	25259	11048	56407	28950	27660	26071	19571
AT1G06130.1	GLX2-4 - glyoxalase 2-4	8.52E-01	1.41	126	2	2	2h	8h	59914	61813	62046	82636	65045	59101	42840	74775	46156	56382	79169	39749	73101	63324
AT4G05110.1	ATENT6, ENT6 - equilibrative nucleoside transporter 6	8.53E-01	2.26	24	1	1	2h	6h	20688	17684	16775	66703	47150	32882	18368	18556	13195	67455	43660	29779	11061	43370
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosynthetic reaction center PSB29 protein	8.53E-01	1.88	696	9	9	24h	10h	2638814	2703333	1360474	3764871	1446924	2159646	1778090	1723659	1327930	4191252	1447107	1586524	1660424	4029872
AT4G08870.1;ATG08870.2	Arginase/deacetylase superfamily protein	8.54E-01	1.63	1085	16	12	8h	24h	4114816	5777595	4481034	6724397	3333836	7080478	2355445	7619158	4256793	7046501	4161782	2853851	2588412	4335689
AT5G51720.1	2 iron, 2 sulfur cluster binding	8.54E-01	2.15	101	2	2	0h	4h	75565	40749	68660	19101	18775	35313	32179	44719	37661	49799	13156	54859	46693	13523
AT2G34810.1	FAD-binding Berberine family protein	8.54E-01	5.81	91	2	1	8h	10h	1515	7156	1466	7614	3595	8548	1410	5416	2414	18399	895	2686	728	6403
AT5G59750.1;ATSG59750.2	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	8.54E-01	2.41	49	1	1	10h	0h	10144	1120	13328	451	5580	12706	3972	21455	10900	534	7529	19663	9046	4085
AT2G43945.1	unknown protein	8.55E-01	1.23	181	5	3	2h	10h	157351	174595	178358	221430	230754	167099	169134	200147	137379	195490	167218	157347	150312	245684
AT2G05520.1	GRP-3, ATGRP-3, GRP3, ATGRP3 - glycine-rich protein 3	8.55E-01	13.99	86	1	1	10h	24h	7180	0	541	11257	0	7326	8675	3406	3781	7484	0	14491	1011	25
AT4G20960.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	8.56E-01	10.46	118	2	2	8h	24h	44178	30758	234590	19946	149719	78420	23533	127254	435400	22335	240205	25921	28161	15603
AT3G22120.1;AT4G15160.1	CWLP - cell wall-plasma membrane linker protein	8.58E-01	2.73	207	3	2	2h	4h	78125	95261	39811	223740	5856	90717	99678	57553	59498	135781	7714	162300	55567	117527
AT4G29350.1	PFN2, PRO2, PRF2 - profilin 2	8.58E-01	1.26	303	4	3	8h	6h	1663332	1352998	1533806	1443449	1565971	1435807	1208934	1522691	2047393	1387351	1901171	1384341	1460626	1434522
AT5G48480.1	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	8.58E-01	3.19	62	1	1	0h	2h	23008	2321	2142	5801	10404	11243	4046	5902	1343	6681	3797	11713	13611	2230
AT3G59870.1	unknown protein	8.59E-01	1.60	191	4	2	24h	10h	38350	66934	45304	71357	54015	42346	47176	43460	42717	65992	44881	36271	42069	87937
AT5G43270.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	8.59E-01	26.57	56	1	1	24h	10h	0	8271	0	18639	3502	704	5359	1378	0	17579	2203	1632	3787	98115
AT1G64770.1;ATG64770.2	NDF2, NDH45 - NDH-dependent cyclic electron flow 1	8.60E-01	1.54	154	3	3	0h	2h	249553	186285	73654	209397	160594	165954	158952	141233	136150	244254	156943	170338	91410	214948
AT5G10760.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	8.61E-01	1.51	310	5	5	8h	4h	1063575	1588137	488527	1623288	975221	942467	1453822	1232632	1611031	1276190	1519104	605816	1006934	1180702
AT3G63190.1	RRF, HFP108, cpRRF, AtcpRRF - ribosome recycling factor, chloroplast precursor	8.62E-01	1.26	523	7	7	0h	10h	4953090	3624358	4540366	3566487	3142695	4040819	3436053	3521334	4660911	3245717	2716282	4088302	3669910	3685787
AT3G16950.1	LPD1, ptlpd1 - lipoamide dehydrogenase 1	8.62E-01	2.66	394	9	1	10h	0h	2055	1241	1917	3960	4022	1870	1377	2095	465	6982	3635	5126	1706	2313
AT3G51000.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.63E-01	1.47	111	2	2	6h	4h	81821	51208	61755	55543	45304	69143	51703	101298	58277	46107	65664	54463	72569	64247
AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	8.63E-01	2.65	88	2	2	6h	4h	32966	16161	14410	23413	2785	32423	45921	47314	24850	11076	5049	49385	53586	7609
AT5G49030.1;ATG49030.2;ATSG49030.3	OVA2 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	8.63E-01	1.17	247	5	5	0h	8h	133447	135894	138040	126007	139385	108720	130875	124310	126416	103101	138647	114392	108184	138152
AT1G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	8.64E-01	1.56	235	4	4	0h	10h	56603	105130	60598	92882	90805	33017	76561	61888	40113	71518	43488	59901	58044	58571
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	8.64E-01	1.44	290	6	3	24h	10h	36425	72915	58526	52974	57572	40110	53482	61078	44771	64548	47096	43009	77514	52169
AT2G39770.1	CYT1, VTC1, SOZ1, EMB101, GMP1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	8.64E-01	1.74	117	2	2	10h	0h	33294	58624	25222	92213	63338	41143	57514	46298	32649	102819	90602	68911	71168	81070
AT2G35410.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.65E-01	3.05	103	2	2	24h	8h	19149	4382	24589	9191	16199	13314	7514	14642	7614	5429	16680	13622	5077	34709
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	8.66E-01	1.87	828	13	4	24h	6h	358927	393659	236755	728842	385411	308608	480878	176082	270671	645080	380696	400615	447958	778794
AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.66E-01	1.43	196	3	3	10h	0h	96282	168441	216150	151563	207706	146203	173845	179904	224038	150219	176731	202007	227917	93851
AT1G51100.1	unknown protein	8.66E-01	2.28	85	2	2	6h	24h	66981	15811	80406	2050	64840	67229	61916	72223	112969	1630	43211	55662	54602	4134
AT1G65960.2;AT1G65960.1;AT3G17760.1	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	8.68E-01	1.11	1321	20	14	8h	6h	3306181	3373190	3035184	3764604	3430038	3317195	3350744	2984406	3563256	3457496	3289359	3498033	3460145	3248737
AT1G72910.1	Toll-interleukin-Resistance (TIR) domain-containing protein	8.68E-01	1.45	47	1	1	6h	4h	15478	25457	19406	23822	20150	16860	34970	18679	22402	17783	19163	28510	22762	22931
AT2G27510.1	ATFD3, FD3 - ferredoxin 3	8.69E-01	1.57	87	2	2	8h	6h	218893	156925	233672	196264	210270	202181	131934	167576	331103	138551	237901	129277	206250	117387
AT5G16710.1	DHAR3 - dehydroascorbate reductase 1	8.69E-01	1.29	989	15	15	4h	24h	6370231	4463285	6755115	4177244	5818873	5358448	4787029	5243651	6084791	4317146	5667242	5029187	4597578	4033561
AT4G34870.1	ROC5, ATCYP1 - rotamase cyclophilin 5	8.70E-01	1.30	588	12	9	10h	4h	4173540	3067770	4252537	3165651	2993884	3039399	3293960	3314834	4811087	2758758	3532339	4318963	3441780	3259208
AT3G10850.1	GLX2-2, GLY2 - Metallo-hydrolase/oxidoreductase superfamily protein	8.71E-01	1.30	315	6	6	0h	2h	732826	539838	490339	488942	514613	515663	472131	627020	709820	453828	622419	467032	554707	554662
AT4G31080.1	Protein of unknown function (DUF2296)	8.71E-01	12.07	25	1	1	24h	4h	1666	7246	2799	858	832	2379	3341	348	731	5350	2271	3381	1030	37717
AT1G25770.1;AT3G25760.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	8.72E-01	3.11	95	2	1	4h	0h	21580	3722	33420	2361	2197	57436	6381	52588	38313	5480	23029	30504	16482	16282
AT1G52690.1	Late embryogenesis abundant protein (LEA) family protein	8.73E-01	8.13	121	3	3	24h	0h	933	9179	497	11888	5305	28588	5114	13662	829	38960	8953	1530	4967	77210
AT3G56290.1	unknown protein; Has 39 Blast hits to 39 proteins in 15 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0;	8.73E-01	1.59	26	1	1	2h	24h	22714	36646	39477	41992	12928	53079	44664	34940	44103	37156	12276	47459	24194	27159
AT1G27430.1	GYF domain-containing protein	8.73E-01	2.44	31	1	1	4h	24h	131365	77155	325654	38353	243027	161285	111913	263950	268134	65832	179341	100761	135415	30094
AT3G14415.1;AT3G14415.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	8.73E-01	1.22	2230	30	9	24h	4h	5944702	7016698	5468406	7068618	5408245	6083397	7025562	5624700	7362918	6264687	5417968	7479713	6499322	7540834
AT2G20690.1;ATSG58050.1	lumazine-binding family protein	8.74E-01	17.22	23	1	1	0h	4h	11020	281	7121	68	299	3765	1089	6169	6160	30	1844	2007	632	24
AT5G24165.1	unknown protein	8.74E-01	2.01	218	3	3	24h	4h	229926	151399	123472	155903	48464	160376	135518	185170	124547	117200	46885	144038	157372	262583
AT5G66420.2	unknown protein	8.75E-01	1.53	45	1	1	8h	24h	5412	26160	15864	18001	20295	15824	18546	13301	22616	24100	18860	22151	26564	3962
AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.76E-01	1.53	2119	27	3	2h	24h	456971	478496	762212	453837	632330	380479	529665	478223	626514	295312	446533	513326	451644	342658
AT4G35450.5;AT4G35450.1;AT4G35450.4	AKR2 - ankyrin repeat-containing protein 2	8.76E-01	1.15	891	13	10	4h	2h	4555269	4157189	4462837	3186239	4610720	4178245	3590720	4252426	5090290	3690800	4394256	4066818	4140437	3834635
AT1G54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	8.77E-01	1.30	191	1	1	2h	10h	368975	306866	321479	385925	344231	302589	276857	312314	189341	420866	290395	253703	264122	299640
AT3G02870.3;AT3G02870.2;AT3G02870.2	VTC4 - Inositol monophosphatase family protein	8.78E-01	1.18	286	3	3	4h	6h	377205	390233	330308	401203	416633	393588	347657	341585	367302	374312	377921	379326	314032	458334
AT1G71730.1	unknown protein; Has 52 Blast hits to 52 proteins in 24 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 4; Fungi - 0;	8.79E-01	1.29	82	1	1	0h	8h	19638	18684	17779	30687	18154	20567	19337	21275	18529	31013	22458	17816	22227	22101
AT1G07080.1	Thioredoxin superfamily protein	8.80E-01	2.08	94	2	2	2h	10h	130015	145459	46979	231379	82751	111492	99455	117396	55614	187058	57573	76040	113946	144639
AT5G11810.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736;	8.80E-01	Infinity	61	2	1	8h	6h	0	9647	0	14965	0	128	0	0	0	14989	0	0	0	9781
AT5G09810.1;AT3G12110.1;AT3G46520.1	ACT7 - actin 7	8.80E-01	1.32	964	16	5	8h	4h	1625788	2683623	1616941	2593498	1666083	2130163	2338581	2102986	2613957	2381448	1974150	2110299	2292254	1626846
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	8.80E-01	2.22	163	3	2	10h	0h	37084	31616	78229	19734	60657	57596	47873	71676	75801	16227	79554	72780	91490	14388
AT1G54810.1	ALDH10A9 - aldehyde dehydrogenase 10A9	8.81E-01	1.30	145	4	4	2h	24h	133021	137118	144440	193221	159508	156978	117421	179492	154073	141701	165812	116389	167564	91720
AT2G29340.3;AT2G29340.1	NAD-dependent epimerase/dehydratase family protein	8.81E-01	1.24	256	6	5	24h	8h	133427	143957	121373	155477	135969	169537	143470	176938	127883	146470	174757	106405	140060	199857
ATCG00750.1	RPS11 - ribosomal protein S11	8.81E-01	1.62	182	3	3	24h	4h	104520	237287	183578	123291	142142	113331	201024	128817	219090	153659	201718	125640	256170	158634
AT5G15520.1;AT3G02080.1;AT5G61170.1	Ribosomal protein S19e family protein	8.81E-01	2.29	51	2	2	6h	10h	11612	40976	39284	14447	29776	17199	70519	22993	23462	18486	18620	22252	21735	38837
AT2G45300.1	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	8.81E-01	2.33	555	8	1	24h	6h	26370	21145	14774	68454	39463	32686	30308	15865	15593	73596	54952	39376	26079	81689
AT4G39330.1;AT4G39330.2	ATCAD9, CAD9 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	8.82E-01	1.17	829	11	11	8h	4h	2160307	1654391	1851814	1856170	1978063	1323726	1927697	1409054	1963711	1886508	2071695	1648510	1953122	1839544
AT5G19810.1	Proline-rich extensin-like family protein	8.82E-01	1.77	27	1	1	24h	6h	75354	93994	52963	118049	87557	61415	89134	45840	48851	116298	99176	64859	86652	152184
AT2G16950.1	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	8.82E-01	2.05	99	2	2	24h	10h	5852	19192	13921	14007	18316	4063	9725	9515	6139	23031	13276	4070	16259	19296
AT4G16830.1	Hyaluronan / mRNA binding family	8.82E-01	8.15	80	2	1	6h	0h	4552	0	0	20122	3	9011	24744	12348	629	9920	0	24324	7243	1215
AT1G31340.1	RUB1, NEDD8, ATRUB1 - related to ubiquitin 1	8.83E-01	1.46	178	4	1	2h	24h	38622

AT5G02960.1;AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	8.84E-01	2.10	96	2	2	6h	10h	36363	130765	127364	77363	108044	71447	242034	74812	130824	70965	61782	89014	85800	70510
AT5G26210.1	AL4 - alfin-like 4	8.85E-01	13.02	23	1	1	8h	24h	10653	1250	17173	169	5988	9384	493	19639	31260	116	5482	6960	2367	43
AT2G41840.1;AT1G58380.1;AT3G57490.1	Ribosomal protein S5 family protein	8.85E-01	1.45	198	4	4	6h	24h	204106	472057	519945	319477	383906	311423	541308	343986	445748	333150	284797	376270	381425	227882
AT3G06050.1	PRXIF, ATPRXIIF - peroxiredoxin IIF	8.85E-01	1.21	383	11	10	6h	10h	1353930	1074191	1502320	1339614	1372255	1385775	1206599	1697425	1718281	1139649	1295000	1109781	1497747	951057
AT2G45790.1	ATPMM, PMM - phosphomannomutase	8.87E-01	1.52	431	9	9	2h	0h	264721	420638	371914	670185	475995	425698	387579	487370	317280	615125	483664	335357	462867	316334
AT5G53490.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.88E-01	1.55	552	10	10	0h	2h	7453693	3572782	4405101	2704378	4329169	4493381	3180364	4523374	5078574	2670204	3769025	5191414	3750557	4874056
AT1G31812.1	ACBP6, ACBP - acyl-CoA-binding protein 6	8.88E-01	1.24	92	2	2	4h	24h	145704	119253	154877	106538	143290	137060	116881	136717	131377	136753	99472	129755	150097	75334
AT5G37660.2	PDLP7 - plasmodesmata-located protein 7	8.88E-01	3.23	31	1	1	0h	24h	68674	16867	39909	15545	18511	34032	20585	20551	61836	9999	16738	25613	11124	15323
AT2G21660.1;ATZG21660.2	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	8.88E-01	1.87	538	8	6	6h	4h	1711378	1139936	867932	1638673	2149999	1313043	1997728	859920	1106472	974247	1114460	2260331	1554553	859886
AT5G24780.1;ATSG24780.2	VSP1, ATVSP1 - vegetative storage protein 1	8.89E-01	3.29	481	6	3	0h	10h	57121	243865	52723	194743	34487	199190	5224	293286	67057	217002	67768	23822	5990	94414
AT1G52530.1	unknown protein	8.89E-01	1.53	28	1	1	0h	10h	25648	25016	22215	11895	21432	15707	17208	20122	28827	6835	13666	19499	17361	22426
AT2G30860.1;ATZG30860.2	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	8.89E-01	1.37	1060	14	13	2h	10h	9454743	11503651	9091568	15061313	9474351	10867118	8281724	11102296	8463009	14895803	10331778	7341268	10954144	11247503
AT2G38700.1	MVD1, ATMVD1 - mevalonate diphosphate decarboxylase 1	8.91E-01	1.60	58	1	1	8h	0h	33888	31344	44491	23733	39514	57668	47830	43040	75831	28389	46499	42076	56836	22949
AT5G46430.1	Ribosomal protein L32e	8.91E-01	2.26	37	1	1	6h	10h	2968	12049	20291	3493	16585	6795	18645	10828	15147	5511	3788	9266	7657	7121
AT4G01700.1	Chitinase family protein	8.92E-01	Infinity	79	1	1	24h	4h	0	3484	0	8061	0	0	738	0	0	8908	0	0	0	20512
AT3G10700.1	GalAK - galacturonic acid kinase	8.92E-01	2.70	54	2	1	4h	24h	86650	11306	70518	4178	39226	99472	23620	96483	78197	6917	68351	34213	48010	3348
AT5G14105.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	8.92E-01	1.30	21	1	1	2h	6h	97886	138763	103758	152539	114214	93482	102180	94247	82950	145614	133047	108347	116510	127385
AT1G07700.1;AT1G07700.3	Thioredoxin superfamily protein	8.93E-01	1.30	154	1	1	0h	10h	113210	83781	107899	72326	69754	92339	79807	93873	92814	75478	60439	91655	85177	78295
AT5G50150.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	8.93E-01	2.11	24	1	1	6h	24h	4417	1377	6246	526	2238	3559	5260	3498	4299	551	3198	5213	3053	1104
AT1G19470.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	8.94E-01	5.90	24	1	1	2h	24h	194122	11857	358814	0	11771	53452	5496	101818	240062	0	92193	38665	59183	1672
AT2G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	8.94E-01	2.01	679	9	8	8h	10h	521808	1181469	391213	975183	464314	828744	501646	682915	566201	1485734	393757	628464	546754	993541
AT5G40200.1	DegP9 - DegP protease 9	8.94E-01	2.76	25	1	1	2h	0h	46031	18403	145946	31646	45003	87335	31999	112437	106819	42662	33404	83374	67524	28565
AT1G70570.1;AT1G70570.2	anthranilate phosphoribosyltransferase, putative	8.95E-01	2.08	25	1	1	6h	4h	23852	2883	28995	7228	4694	19928	25297	25933	26678	2208	20897	10480	23073	12839
ATCG00065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	8.95E-01	3.35	105	2	2	24h	2h	5814	107415	28486	17580	39964	18621	81535	12300	30121	81119	62450	23956	95287	59066
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	8.96E-01	2.23	32	1	1	2h	10h	11333	25947	9233	31814	15642	11080	15854	17701	7406	33108	10735	7662	16613	18354
AT5G28500.1;ATSG28500.2	unknown protein	8.96E-01	1.23	535	8	8	4h	24h	1045965	818993	1081689	817377	1033145	904815	800936	857521	1135877	630952	1020240	875813	785279	784227
AT1G59680.1	EDA1 - F-box associated ubiquitination effector family protein	8.96E-01	3.75	21	1	1	6h	4h	12597	2563	15979	1771	2291	5644	2299	27452	10242	870	15249	11872	5619	5056
AT2G35450.1	catalytics;hydrolases	8.96E-01	1.28	122	3	3	24h	0h	66283	76209	85829	88179	84250	69885	66646	83590	67239	83553	81935	63882	64443	118229
ATCG01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster binding	8.96E-01	5.58	88	2	2	24h	10h	42580	175516	22464	159609	22872	94723	18840	74166	15207	162767	39924	12683	36353	257114
AT4G31180.1	Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	8.96E-01	1.60	281	5	5	2h	0h	100245	36297	143404	75034	75670	96257	70947	117487	129945	48851	94089	83967	99416	103251
AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	8.96E-01	1.44	326	4	4	8h	10h	516895	545734	797921	507868	623401	495232	633473	778206	1034927	442752	577242	452288	491703	724022
AT5G52355.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.96E-01	1.23	513	9	9	8h	4h	2935054	2686409	2938764	2042755	2133808	2559778	2317644	2709121	3471561	2296102	2491898	2325135	2900365	2195415
ATZG18020.1;ATSG51190.1	EMB2296 - Ribosomal protein L2 family	8.98E-01	1.61	133	3	3	6h	24h	80923	198547	253672	116733	179821	120538	289644	133659	152712	123482	122319	143088	131552	130718
AT5G44720.1	Molybdenum cofactor sulfurase family protein	8.98E-01	1.45	37	1	1	10h	6h	36309	19058	30918	20901	22979	31687	24006	25327	40147	20721	38011	33312	33788	24093
AT2G18700.1	ATTPS11, TPS11, ATTPS8 - trehalose phosphatase/synthase 11	9.02E-01	2.23	23	1	1	10h	6h	52233	12904	55451	16632	26177	39671	25522	11898	54088	15676	46355	37105	32498	23464
AT1G55640.1	PRA1.G1 - prenylated RAB acceptor 1.G1	9.04E-01	14.05	21	1	1	8h	10h	13852	6073	10923	6961	7250	9809	6502	11668	217406	3779	5285	10463	3671	13601
AT4G38340.1	Plant regulator RWP-RK family protein	9.04E-01	2.77	21	1	1	2h	6h	19732	17553	15194	79722	13517	27922	18248	16037	10865	57779	27750	32822	23204	32527
AT1G70580.1	AGAT2, GGT2 - alanine-2-oxoglutarate aminotransferase 2	9.04E-01	1.28	1719	23	2	24h	6h	233702	129002	194852	163914	187565	162887	136351	160781	168628	178820	191529	159714	174760	206703
AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	9.05E-01	1.36	308	3	2	8h	4h	393386	861080	546999	443930	538134	424128	649567	428748	703340	608767	674580	433083	746989	529395
AT4G17520.1	Hyaluronan / mRNA binding family	9.05E-01	2.70	136	3	2	6h	4h	42949	33889	29931	71714	16742	38069	113515	34215	57073	32553	7045	107264	71715	51425
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	9.05E-01	1.55	127	3	3	6h	2h	176120	77513	91277	82014	75859	124824	169689	99459	142534	125382	61308	161697	100479	114523
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	9.05E-01	1.16	1024	19	18	2h	24h	1178988	1767482	1547357	1510971	1457063	1536531	1328823	1550135	1576239	1465406	1500914	1435685	1456537	1172919
AT3G01500.1	CA1, ATBCA1, SABP3, ATSABP3 - carbonic anhydrase 1	9.06E-01	1.24	2392	32	1	8h	4h	566065	589873	652433	557730	587666	479177	622075	621258	823118	502006	645486	459224	533643	586002
AT5G16525.1;ATG16520.3	UGT78A1 - UDP-glucosyl transferase 88A1	9.06E-01	1.26	266	7	6	24h	6h	295674	260815	197622	379126	204275	234099	264024	199075	228314	344278	249997	242393	253401	329091
AT3G06030.1	ANP3, MAPKKK12, NP3 - NPK1-related protein kinase 3	9.07E-01	2.88	23	1	1	0h	10h	29111	79714	18757	63913	14683	78303	7862	94558	24044	75050	22783	14951	6615	35033
AT1G79500.1;ATG79500.5	AtAdsA1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	9.07E-01	1.26	134	3	3	10h	24h	133531	115537	148591	106785	113979	118788	98886	146820	144921	112225	154145	114451	97083	115947
AT3G15730.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	9.08E-01	1.57	249	6	6	2h	10h	229769	242280	154240	378954	195036	190814	196681	187202	80386	290901	146285	192554	164054	185772
AT2G30060.1	Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	9.08E-01	2.00	95	3	2	10h	2h	38869	5034	28516	2277	11263	34212	27976	23177	37295	4752	35424	26222	28580	9715
AT5G42890.1	ATSCP2, SCP2 - sterol carrier protein 2	9.09E-01	1.81	27	1	1	0h	4h	23179	15597	9202	15614	3320	18087	17079	12825	8989	16420	3097	27711	20851	12810
AT3G17210.1	ATHS1, HS1 - heat stable protein 1	9.09E-01	2.36	52	1	1	0h	10h	31452	73554	25352	51885	26789	22925	37406	26795	11726	80202	14724	29755	46188	20217
AT5G35790.1;AT1G24280.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	9.09E-01	1.37	199	4	3	0h	24h	116129	85173	112612	81084	91040	91050	67896	112325	122926	69837	70452	97766	85803	60840
AT4G24220.1;AT4G24220.2	VEP1, AWI31 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.10E-01	1.81	338	6	6	24h	0h	144187	138057	85371	258245	137059	177226	148884	149094	97376	325690	171404	125998	177310	333432
AT4G24830.1;ATG24830.2	arginosuccinate synthase family	9.11E-01	1.13	895	13	13	2h	10h	883182	874706	849020	1052404	893733	862923	757964	921614	797439	986986	863330	814556	831703	964466
AT3G18740.1;ATG36240.1;AT1G77940.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.12E-01	2.95	118	3	3	6h	10h	14326	97773	77986	63634	94999	35593	172566	32211	79414	49059	25784	43584	36822	72068
ATCG00800.1	structural constituent of ribosome	9.13E-01	1.41	600	8	8	6h	4h	313788	979824	626944	444576	498709	520653	759899	676753	713329	639525	664439	647642	803543	524517
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	9.13E-01	1.21	2339	33	27	8h	0h	37287319	42593468	56287145	34926874	44851283	45875821	48887982	46744365	58796100	38247967	47528069	45835862	47049310	33716362
AT1G19670.1	ATCLH1, CCR1, ATHCDR1, CLH1 - chlorophyllase 1	9.13E-01	3.86	81	2	1	0h	24h	9	14470	1719	5916	2669	3693	2906	5091	1162	7895	2980	2393	768	2987
AT2G41700.2	ABCA1, AtABCA1 - ATP-binding cassette A1	9.15E-01	1.30	25	1	1	6h	10h	95844	136410	80825	149424	103565	92116	114983	124075	106405	120468	95522	88169	47864	141370
AT1G52670.1	Single hybrid motif superfamily protein	9.15E-01	1.39	76	2	2	4h	24h	241004	262843	355187	211281	343303	257418	235254	268708	348063	169586	283708	250171	225120	208097
AT5G49970.1;ATSG49970.2	ATPPOX, PDX3, PPOX - pyridoxin (pyridoxamine) 5'-phosphate oxidase	9.15E-01	1.40	147	3	3	8h	6h	66781	63443	43213	96064	54606	64654	52806	51461	59759	86712	47381	69517	65990	58169
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	9.16E-01	2.61	28	1	1	0h	10h	5403	3639	9357	2690	6391	9677	2442	16047	10811	4183	2519	4560	9314	3953
AT5G19855.1	Chaperonin-like RbcX protein	9.16E-01	1.51	73	1	1	4h	24h	103931	81922	144094	24996	104006	118220	94193	102186	143039	44014	105206	113720	94929	52411
AT3G59760.1;ATG59760.2	OASC, ATCS-C - O-acetylserine (thiol) lyase isoform C	9.16E-01	2.60	93	3	1	24h	10h	13534	25453	4731	44316	11387	18353	13060	19337	8815	40116	16860	7031	23148	38874
AT5G42190.1	ASK2, SKP1B - E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein	9.16E-01	1.34	77	1	1	2h	8h	20804	22435	23914	33623	25208	21171	16821	27754	15424	27540	22875	21660	15728	28016
AT1G13520.1	Protein of unknown function (DUF1262)	9.16E-01	5.15	22	1	1	2h	24h	61805	44628	132488	89	9660	30050	29205	52860	78936	3716	4380	56478	14299	11423
AT2G43790.1	ATMPK6, MPK6, MAPK6 - MAPK kinase 6	9.17E-01	1.67	159	3	3	2h	10h	59580	96005	54931	136684	69868	81288	75746	101286	57037	109086	78670	56678	77328	149264
AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamma-2 COP, putative	9.17E-01	2.28	198	3	3	0h	10h	10538	65704	13529	34779	35621	10657	43677	27198	15781	48748	5291	28166	22379	24077
AT5G10450.1	GRF6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	9.18E-01	1.19	1031	16	7	24h	4h	1861139	1738796	1516241	2013529	1858356	1492120	1814115	1551791	1403794	2000580	1785701	1808378	1746813	2234549
AT3G54660.1	GR, EMB2360, ATGR2 - glutathione reductase	9.19E-01	1.18	762	16	16	0h	2h	2717254	1953426	2145501	1826853	2125191	2205713	2064974	2107830	2500777	1889755	2334140	1988301	2176892	2390382
AT3G51240.1	F3H, TT6, F3'H - flavanone 3-hydroxylase	9.19E-01	1.88	109	1	1	8h	4h	9747	15664	17971	2928	15512	4362	14119	15036	31007	6440	16440	9476	17640	13086
AT1G54290.1	Translation initiation factor SUI1 family protein	9.21E-01	2.04	89	2	1	24h	10h	31983	20291	3363	41851	12499	24703	17098	43943	12452	25260	3883	26098	49588	11708
AT5G56680.1;AT1G70980.1	ATCYSS1, EMB2755, SYNC1, ATHTA1 - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	9.21E-01	1.44	297	6	6	24h	6h	173076	207386	148572	143006	209253	191916	185809	177606	182112	239379	229259	172475	193930	128159
AT1G24020.1	MLP423 - MLP-like protein 423	9.21E-01	1.27	258	4	4	2h	6h	331179	356532	381912	342796	362742	234967	406844	161565	374174	211412	334879	287176	320278	349134
AT3G16470.1;ATG16470.3	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	9.21E-01	1.45	518	9	8	8h	24h	817630	988018	712730	860633	605208	1117396	506352	1066447	762345	1218194	913817	557250	590416	775581
AT5G10540.1	Zincin-like metalloproteases family protein	9.21E-01	1.36	535	11	3	2h	4h	96651	170879	125877	221802	133653	122435	151894	139186	123058	191978	151863	141918	199477	131639
AT1G63150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.21E-01	15.01	21	1	1	6h	2h	116187	362	17694	2750	0	149670	119722	187130	265930	0	190023	0	115343	2220
AT2G24090.1	Ribosomal protein L35	9.22E-01	1.38	45	1	1	8h	4h	203397	270867	239776	140698	184829	164594	188463	214168	309069	174530	314776	156830	232051	149082
AT2G17265.1	HSK, DMR1 - homoserine kinase	9.22E-01	1.68	203	4	4	10h	24h	1357191	612352	1481653	612713	842910	955669	783574	824823	1400322	525257	1119079	1283278	891528	541416
AT4G33500.1	Protein phosphatase 2C family protein	9.22E-01	1.54	45	1	1	0h	2h	61909	26213	32019	25202	35373	48489	44964	24397	57985	28288	37376	30584	36425	32004
AT2G30870.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	9.25E-01	1.19	480	9	8	8h	0h	2153311	2334867	2400220	2791165	2587771	2573865	2112960	2906782	2521881	2830698	2808661	1995802	2805980	1974173
AT2G29450.1;AT2G29440.1;AT2G29470.1	ATGSTU5, ATGSTU1, AT1O3-1A, GSTU5 - glutathione S-transferase tau 5	9.26E-01	1.17	864	17	17	0h	6h	2294945	2243033	1870141	2452836	2090656	2416998	1703469	2183825	2047550	2438183	2225769	2231160	1811416	2563570
AT4G15210.1;ATG15210.2	ATBETA-AMY, AT-BETA-AMY, RAM1, BMY1, BAM5 - beta-amylase 5	9.26E-01	1.94	564	9	9	8h	6h	400617	609201	475855	968559	387726	877888	256976	669237	483140	1310437	533694	759267	339232	945451
AT3G49990.1	GRAS family transcription factor	9.27E-01	2.01	40	1	1	24h	10h	161172	473998	155906	481572	284176	192247	280310	259212	161822	439114	170096	199930	270108	473691
AT2G40510.1;ATZG40590.1	Ribosomal protein S26e family protein	9.28E-01	1.79	144	3	3	6h	10h	37022	231744	195650	130633	181962	70360	247567	101910	102157	104217	82780	112093	105018	96570
AT1G13320.1	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	9.29E-01	1.95	157	3	2	0h	4h	11374	58160	17029	52246	24297	11327	30672	30310	16426	46846	18815	18103	26110	24563
AT3G19710.1	BCAT4 - branched-chain aminotransferase4	9.29E-01	2.37	62	1	1	24h	4h	21584	51861	17755	82572	16365	31620	22892	36771	12640	91564	42365	49533	38774	74962
AT5G16280.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.30E-01	1.89	25	1	1	6h	0h	11410	20216	22245	9716	24193	11894	13915	45953	29419	9329	18824	28439	17702	23609
AT1G58230.1	binding	9.30E-01	1.29	22	1	1	8h	0h	98463	132396	99267	139626	164062	87336	128734	121704	154819	118486	104265	106901	116950	147776
AT1G05910.1	cell division cycle protein 48-related / CDC48-related	9.32E-01	2.21	33	1	1	2h	24h	14238	12605	37468	7965	22140	1318	15457	7762	28720	11520	2721	30909	9389	11144
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	9.33E-01	1.23	495	9	9	8h	4h	1679740	2135439	2162445	1665056	1700036	1683118	2125034	1626480	2187393	1959503	2020891	1687891	2176115	1367900
AT3G10620.1	ATNUDX26, NUDX26 - nudix hydrolase homolog 26	9.33E-01	1.50	58	2	2	24h	4h	293460	245706	135173	363367	163847	204526	205507	185042	109754	355942	205214	285552	237506	314018
AT2G03870.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	9.33E-01	2.47	42	1	1	8h	10h	2505	2395	420	4559	399	3549	3267	1765	1409	6377	466	2690	5012	1403
AT3G16420.1;AT3G16430.1	PBP1, JAL30 - PYK10-binding protein 1	9.34E-01	1.75	446	9	9	8h	10h	985527	1452346	692885	1793514	646574	1666151	657694	1578626	943592	1997827	1314177	363407	878746	945135
AT5G49760.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	9.35E-01	1.50	42	1	1	0h	10h	20783	33431	17372	33572	22959	21012	15701	34639	20222	31348	20731	15531	28565	20879
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	9.36E-01	1.40	103	3	3	8h	24h	59239	104079	98984	85355	91789	90673	88770	87172	100888	91779	49291	143147	64171	73310
AT2G30200.1;ATZG30200.2	catalytics;transferases;[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	9.36E-01	1.42	503	8	8	2h	24h	1110920	736365	1342893	787393	1025070	851475	929566	851652	1258160	641655	940101	1001314	963756	540798
AT3G47810.1	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	9.37E-01	1.36	107	2	2	8h	10h	48991	102461	75348	111639	81872	87773	76260	90973	75721	117618	75974	65885	107670	51447
AT3G51960.1	ATBZIP24, BZIP24 - basic leucine zipper 24	9.37E-01	2.54	25	1	1	8h	24h	134622	39484	140216	18925	81395	77892	76504	112147	226356	11570	129983	83424	81394	12140
AT3G52155.1	Phosphoglycerate mutase family protein	9.37E-01	1.47	31	1	1	0h	10h	13143	19202	7617	17506	13597	13925	10987	12849	6334	17820	8351	13665	13229	10136
AT4G36870.1	BLH2, SAW1 - BEL1-like homeodomain 2	9.38E-01	2.67	23	1	1	2h	24h	57933	65184	275959	36143	131990	58250	79011	215157	156627	20804	44969	102186	59113	57902
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	9.38E-01	1.18	626	11	11	0h	6h	1305354	1974982	1721034	1224369	1535141	1337916	1474428	1308622	1787041	1486654	1558687	1354075	1606455	1436112
AT1G09080.1	BIP3 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	9.39E-01	1.78	110	2	1	4h	0h	3339	1263	2671	2569	3288	4911	1328	5193	3504	2251	4478	1793	2229	3501
AT5G22620.1	phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein	9.40E-01	1.26	80	1	1	0h	24h	22587	27653	30253	19237	23824	20019	27453	14921	24090	21441	20791	27657	15289	24628
AT4G16950.1	RPP5 - Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	9.41E-01	11.05	52	1	1	2h	6h	0	101145	0	137779	43448	10982	12473	0	0	88000	23028	4820	11121	2820
AT3G57610.1	ADSS - adenylosuccinate synthase	9.41E-01	1.28	710	12	11	8h	10h	1956607	1702424	1753208	1379589	1648773	1662305	1689418	1683135	2585170	1270093	1490946	1529814	1615636	1558100
AT1G53280.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	9.41E-01	1.10	456	9	9	6h	10h	611364	459712	514823	561876	547813	475029	574168	522325	482272	519773	500170	492215	474963	559355
AT2G28605.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	9.42E-01	1.56	121	3	3	8h	24h	135179	88332	155830	71099	101081	118606	65428	106941	175860	65474	71853	126708	108466	45783
AT5G17310.2;AT5G17310.1	UGP2 - UDP-glucose pyrophosphorylase 2	9.42E-01	1.33	1050	19	4	10h	8h	209136	118518	240339	107112	184449	200493	162416	165879	220069	95268	192160	226593	166806	171846
AT4G39200.1	Ribosomal protein S25 family protein	9.43E-01	1.50	179	3	2	24h	10h	28901	61360	50325	22218	52777	33627	26249	44849	40740	43578	25498	36763	31151	62045
AT4G16165.1	Carbohydrate-binding X8 domain superfamily protein	9.43E-01	3.06	32

AT4G17740.1;AT4G17740.2	Peptidase S41 family protein	9.44E-01	1.19	48	2	2	6h	8h	36174	22094	29841	25120	28689	32375	30771	33380	34899	18969	23982	31322	33039	29850
AT2G42160.1	BRIZ1 - zinc finger (ubiquitin-hydrolase) domain-containing protein	9.44E-01	2.23	22	1	1	0h	6h	52867	15335	41230	13441	11479	42552	18460	12180	52893	14660	18434	36866	27200	8562
AT1G47870.1	E2FC, ATE2F2, ATE2FC - winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	9.45E-01	1.27	27	1	1	24h	0h	32004	51469	42399	59649	45400	43464	36315	53209	35136	55852	52156	37948	46423	59277
AT3G62770.1;AT3G62770.3	AtATG18a - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.45E-01	1.48	50	2	1	2h	24h	75756	73190	116140	47063	55058	87283	55662	97991	121213	29008	49606	90600	96903	13379
AT5G15350.1	ENODL17, AtENODL17 - early nodulin-like protein 17	9.46E-01	1.99	116	1	1	10h	24h	21446	7960	5208	32670	11541	15202	15748	5717	4458	21893	19737	21626	6318	14509
AT1G59700.1	ATGSTU16, GSTU16 - glutathione S-transferase TAU 16	9.47E-01	1.58	262	2	2	2h	6h	41925	46906	32048	69846	35598	34105	37373	27288	22524	69397	42164	39400	31162	44303
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	9.48E-01	1.17	443	8	8	2h	10h	1218382	1334489	1639171	1184213	1372401	1400802	1187032	1390581	1697925	1061948	1150629	1257886	1373504	1418248
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	9.48E-01	1.55	110	3	3	8h	4h	129514	311780	305897	159790	205837	190287	310208	224098	375480	240088	309215	225585	383626	120279
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	9.48E-01	2.46	1404	21	2	24h	10h	23474	66196	12895	79118	53206	36715	44487	38087	12071	80749	37998	17022	39705	95597
AT5G02530.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	9.49E-01	3.02	32	1	1	6h	0h	5044	3229	21287	1228	13524	8280	6897	18128	20742	1128	11391	8161	13162	3138
AT5G54310.1	NEV, AGD5 - ARF-GAP domain 5	9.50E-01	2.46	75	2	1	6h	0h	3478	0	6414	0	0	4925	4795	3770	6677	0	0	5881	5904	403
AT3G04600.2;AT3G04600.1	Nucleotidylyl transferase superfamily protein	9.50E-01	1.35	179	4	3	0h	10h	34851	55982	28421	57991	35252	43216	43388	45190	30586	54737	27114	40307	47111	41340
AT3G61540.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.51E-01	1.59	31	1	1	2h	10h	15358	32891	15547	35059	21249	15423	21185	18403	10618	31169	13894	17939	20893	25547
AT3G60880.1;AT2G45440.1	DHDPS, DHDPS1 - dihydrodipicolinate synthase 1	9.52E-01	1.35	24	1	1	2h	24h	25226	15021	27550	18794	21544	13440	15173	21115	23692	15571	24492	15917	21349	12928
AT3G42590.1;AT2G42590.2;AT2G42590.3	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	9.52E-01	1.39	659	12	11	2h	6h	1442215	1486109	1393051	2446696	1825738	1500490	1339651	1417878	1055506	2258769	1714203	1409341	1380102	2123983
AT2G37690.1	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, putative / AIR carboxylase, putative	9.52E-01	1.81	31	1	1	8h	10h	4205	11161	3225	13909	7842	4224	7907	8179	6990	12254	5504	5151	9338	3681
AT4G14040.1	EDA38, SBP2 - selenium-binding protein 2	9.53E-01	1.16	622	12	8	24h	6h	841322	888373	764476	967014	737817	913895	647866	946326	936316	816168	810884	904602	834915	1020250
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	9.53E-01	1.23	740	13	13	2h	24h	9603214	7504236	10677983	6715238	7929599	7602240	7499571	8399573	10493548	5966360	6794872	7606545	7319985	6797680
AT3G13290.1	VCR - varicose-related	9.53E-01	1.59	22	1	1	0h	8h	117074	53109	67271	72867	67708	78973	56731	87586	48558	58490	69865	48425	39027	118352
AT3G27160.1	GHS1 - Ribosomal protein S21 family protein	9.53E-01	1.98	45	1	1	0h	4h	47496	144236	29537	87589	50346	46582	104271	28926	43550	132546	69501	65702	124889	51181
AT4G15360.1	Uncharacterised conserved protein (UCP030210)	9.53E-01	1.59	145	3	3	8h	6h	29748	30636	24759	45718	30984	29918	25074	20935	15200	58137	33503	16141	25616	43069
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	9.54E-01	2.07	200	4	2	24h	10h	22113	50673	57653	46683	56505	27990	34645	35457	47277	10893	32489	25347	1727	118174
AT3G16432.1	unknown protein	9.55E-01	1.32	27	1	1	4h	0h	107317	109730	168262	54670	167479	119997	110752	117795	137795	87158	113339	121314	149259	99007
AT5G64350.1	FKBP12, ATFKBP12 - FK506-binding protein 12	9.55E-01	1.28	134	3	3	8h	2h	361618	216462	261625	216240	204383	294722	316978	290903	392231	217072	264802	298796	327506	195261
AT4G36800.1	RCE1 - RUB1 conjugating enzyme 1	9.58E-01	2.41	50	1	1	2h	4h	16738	16533	7882	43243	10157	11015	19169	12021	4622	41625	8691	13423	18393	22967
AT3G02660.1	emb2768 - Tyrosyl-tRNA synthetase, class Ib, bacterial/mitochondrial	9.59E-01	1.45	120	3	3	0h	8h	32417	28549	11208	44574	37223	20538	26066	19600	15358	26757	20107	22398	21129	27559
AT4G09040.2;AT4G09040.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.60E-01	1.47	112	3	3	6h	10h	237328	85176	223276	45706	113490	216041	156727	212308	236316	60053	55508	194749	169509	178329
AT1G06570.1	PDS1, HPD - phytoene desaturation 1	9.60E-01	14.42	42	1	1	8h	6h	11361	630	51201	0	0	5648	0	4348	62702	0	3545	876	1580	8156
AT2G18230.1	AtPPa2, PPa2 - pyrophosphorylase 2	9.61E-01	1.33	93	2	2	24h	10h	66378	70007	53218	88253	81475	70673	82541	61190	44883	97648	69693	57742	71091	97860
AT1G10500.1	ATCPISCA, CPISCA - chloroplast-localized ISCA-like protein	9.61E-01	1.58	55	1	1	24h	10h	6451	34097	15493	26093	28991	6872	31460	9723	31799	20754	21039	12436	35644	17101
AT3G45300.1	IVD, ATIVD, IVDH - isovalenyl-CoA-dehydrogenase	9.61E-01	1.85	70	2	2	8h	24h	235967	98382	193299	64150	149086	187445	156022	231294	346761	49475	193187	88438	158858	54922
AT5G14590.1	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase family protein	9.62E-01	1.35	299	7	4	2h	10h	83694	93620	74676	140278	98321	82330	66460	126153	85351	120136	83523	75330	79799	97447
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	9.63E-01	1.81	142	3	3	24h	0h	99815	235058	180215	270907	270357	200169	243073	214324	170954	232954	167569	251093	120251	486708
AT1G20200.1;AT1G75990.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	9.64E-01	1.58	120	3	3	6h	8h	34363	63783	70558	24261	65257	51548	61925	72054	57407	27190	65801	52246	112928	20244
AT1G30440.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	9.64E-01	3.38	28	1	1	8h	24h	46549	7072	28893	6165	9112	23575	9041	16801	52198	7595	10098	13475	5862	11842
AT3G13490.1	OVAS, ATKRS-2 - Lysyl-tRNA synthetase, class II	9.64E-01	1.44	150	2	2	0h	10h	25810	63945	31329	39423	40113	32543	43026	41152	48418	24748	27891	34479	39743	34722
AT3G29185.2;AT3G29185.1	Domain of unknown function (DUF3598)	9.66E-01	1.29	274	5	5	4h	6h	130960	136290	164588	102033	140071	132343	110010	100942	174742	82320	143052	120066	98765	160553
AT1G66100.1	Plant thionin	9.67E-01	4.27	102	1	1	2h	10h	33775	0	46632	0	3197	11149	2793	33832	44236	0	0	10920	18899	0
AT5G46290.1;ATSG46290.2	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	9.69E-01	1.37	353	6	6	6h	0h	240095	565824	524433	305747	434633	503582	655463	448053	583409	384202	336162	619446	613970	276238
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	9.70E-01	1.41	291	6	6	0h	24h	459658	258894	353005	208697	304398	314619	279801	339716	422666	175837	220103	340855	320341	188823
AT1G79790.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	9.72E-01	3.53	27	1	1	24h	6h	7345	3787	1404	25153	6877	9301	5561	3012	1764	22983	5915	11768	5825	24410
AT5G48220.1;ATSG48220.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	9.72E-01	1.19	416	8	8	0h	24h	343811	242791	296439	232211	273354	257343	285859	269083	326349	184879	210688	288139	242070	252905
AT3G23490.1	CYN - cyanase	9.72E-01	1.76	313	7	6	24h	6h	125006	117643	106506	188590	134842	129452	88623	119975	83759	232385	135934	124688	89742	277996
AT1G58900.4	F-box/RNI-like superfamily protein	9.72E-01	1.68	26	1	1	0h	24h	394658	169668	269403	157719	206798	239065	172755	266382	391324	100366	182762	179903	132770	203998
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	9.74E-01	1.28	240	3	3	24h	4h	77923	55713	79258	59094	59463	60498	102170	31094	88942	59049	72795	51556	74375	79604
AT1G14250.1;AT1G14230.1;AT1G14240.1	GDA1/CD39 nucleoside phosphatase family protein	9.75E-01	1.95	571	9	9	0h	10h	648998	1776693	413978	1408028	467829	1165455	320184	1145620	554104	1085281	610093	636068	330015	1067397
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	9.75E-01	1.22	318	6	6	0h	2h	1029509	657266	867091	514564	690153	744271	680699	805012	956479	660209	656366	871184	780034	694500
ATCG00330.1	RPS14 - chloroplast ribosomal protein S14	9.77E-01	1.31	53	1	1	24h	4h	89393	195848	141813	153020	130211	127379	173012	93947	192704	114458	179832	94343	184361	151963
AT5G64860.1	DPE1 - disproportionating enzyme	9.79E-01	1.33	148	3	3	24h	2h	149612	72978	105504	63193	93793	104864	110400	92242	112153	78198	90203	119731	147084	77211
AT5G59290.2	UXS3, ATUXS3 - UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	9.79E-01	1.29	398	10	1	24h	10h	23495	28847	36905	18164	34435	23151	30195	24016	32108	32830	31364	20846	20848	46687
AT1G79990.1;AT1G79990.3	structural molecules	9.79E-01	1.35	47	2	1	4h	10h	42226	88322	56772	85500	93112	56662	105471	41147	65606	80575	60989	50076	52955	66180
AT1G54580.1	ACP2 - acyl carrier protein 2	9.80E-01	1.40	77	1	1	2h	6h	155167	163541	131329	240517	177360	145952	140992	124784	104428	238235	163449	165746	121468	201206
AT4G39280.1	phenylalanyl-tRNA synthetase, putative / phenylalanine--tRNA ligase, putative	9.80E-01	1.80	74	2	2	2h	24h	18419	37355	23614	51796	25411	27430	26778	26958	9566	53785	12505	38184	25809	16179
AT4G37990.1	ELI3-2, ELI3, ATCAD8, CAD-B2 - elicitor-activated gene 3-2	9.80E-01	5.63	262	4	2	24h	10h	5209	50485	6669	13601	6658	32099	4114	15504	3365	93819	6212	11646	5583	94945
AT3G53870.1	Ribosomal protein S3 family protein	9.80E-01	1.37	295	6	1	6h	24h	4326	21042	10092	18409	14726	10327	21094	11552	16958	10870	9024	17954	13717	10130
AT3G15190.1	chloroplast 30S ribosomal protein S20, putative	9.81E-01	1.24	209	4	4	24h	8h	265919	477328	497030	252413	424007	392761	468822	371532	391404	314477	526006	320052	534095	341465
AT1G03090.2	MCCA - methylcrotonyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial / 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase 1 (MC	9.83E-01	1.49	34	1	1	0h	8h	20611	6306	13981	10276	9633	12966	10332	10791	9498	8596	12921	8649	11371	12497
AT5G45280.1	Pectinacetylesterase family protein	9.85E-01	1.36	315	6	2	10h	8h	80197	38150	41347	79377	40117	75516	54114	58579	33153	77860	44089	106923	54643	95862
AT5G04710.1	Zn-dependent exopeptidases superfamily protein	9.85E-01	1.78	62	1	1	24h	6h	73464	95755	59932	217157	116128	84791	96694	61144	49630	231589	104886	101988	73164	208097
AT5G41210.1	ATGSTT1, GST10, GSTT1 - glutathione S-transferase THETA 1	9.86E-01	1.91	93	2	2	2h	10h	44688	116263	51544	199797	81625	60794	81509	71170	41334	155028	54830	76802	95672	84446
AT4G28706.4;AT4G28706.1;AT4G28706.2	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	9.86E-01	2.00	125	2	2	24h	6h	49213	38367	30077	79692	33729	44467	41658	31900	22188	85226	43973	40421	28927	118136
AT5G11450.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	9.87E-01	1.47	77	2	2	2h	24h	121068	47442	112277	66610	53210	85798	73573	83434	106865	50627	48172	107310	53858	68041
AT2G43560.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	9.87E-01	1.74	319	7	7	2h	24h	2357419	1034060	3353669	931962	1264830	1958746	1335427	1930842	2400571	765945	1563377	2045010	1462533	999660
AT1G80360.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	9.88E-01	1.53	58	1	1	10h	2h	14122	42843	10789	36341	38119	26707	49277	16091	9995	55276	46045	26111	53790	18328
AT1G04640.1	LIP2 - lipoyltransferase 2	9.88E-01	1.28	50	2	2	0h	4h	714556	386511	794568	300688	332535	524943	494605	586617	644672	272611	546673	383381	479220	379167
AT5G63400.1;ATSG63400.2	ADK1 - adenylate kinase 1	9.88E-01	1.21	252	4	4	24h	0h	125106	124398	161635	110680	130285	169706	125722	174827	179128	116298	156962	115466	194537	108165
AT2G04039.1;AT2G04039.3	unknown protein	9.89E-01	1.23	317	6	6	0h	6h	990788	549869	625526	797214	582862	810021	668063	582798	711237	709933	499414	805415	589690	880038
AT1G14040.1	EXS (ERD1/XPR1/SYG1) family protein	9.89E-01	1.22	25	1	1	24h	4h	1824141	3414468	2225545	3189619	2843473	2111185	3053353	2336370	1854459	3325280	2555643	2859441	2669282	3367457
AT5G47770.1	FPS1 - farnesyl diphosphate synthase 1	9.89E-01	1.25	189	4	3	10h	0h	180860	101270	205032	123354	137330	171116	143326	181422	218907	99063	200210	151484	177157	115391
AT3G19450.1	CAD4, ATCAD4, CAD, CAD-C - GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	9.90E-01	1.09	842	13	10	10h	24h	2058874	2560144	2117040	2742066	2615087	2091472	2355754	2382009	2146975	2672240	2414664	2463061	2277989	2186622
AT1G67280.1;AT1G67280.2	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein	9.90E-01	1.09	464	7	6	2h	0h	1636804	1268172	1492343	1682829	1307015	1673845	1531075	1504700	1730079	1380503	1450524	1549611	1624324	1347341
AT1G77800.2	PHD finger family protein	9.90E-01	1.80	20	1	1	24h	0h	5142	7092	5076	7562	6802	7696	6166	6303	3336	11224	9532	4638	4360	17626
AT1G11580.1	ATPMEPCRA, PMEPCRA - methylesterase PCR A	9.91E-01	1.79	77	2	2	24h	10h	41405	45949	21362	76295	37274	52910	29033	50777	21474	68176	30916	27942	23613	81784
AT1G21440.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	9.91E-01	1.33	386	6	4	0h	24h	253985	94392	199495	113906	153275	187035	68558	209609	224685	102865	155494	125550	132643	128686
AT1G50900.1	GDC1 - Ankyrin repeat family protein	9.91E-01	1.25	110	2	2	0h	4h	96185	118717	112489	72858	69875	102104	61393	124520	88395	94968	85970	114918	60008	132861
AT3G12930.1	Lojap-related protein	9.91E-01	1.71	31	1	1	2h	0h	10947	13077	10634	30543	18089	13490	16138	11293	6428	29033	11539	14699	9514	22106
AT5G63980.1	SAL1, ALX8, ATSAL1, HOS2, FRY1, RON1 - Inositol monophosphatase family protein	9.92E-01	1.17	302	5	5	0h	6h	385622	282849	377389	269589	260433	376504	228096	343579	389694	249911	328115	316576	360797	233213
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	9.92E-01	1.06	2320	29	29	24h	0h	15234507	15471725	16891040	15662595	16017723	15189098	17854037	13493509	17032827	14529000	14783558	17450485	15836932	16745901
AT1G35420.1;AT1G35420.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.93E-01	1.31	149	3	3	8h	2h	81853	64556	67872	73191	69924	80087	68751	84562	126672	58004	104251	58445	76536	69672
AT1G63940.2;AT1G63940.3;AT1G63940.4	MDAR6 - monodehydroascorbate reductase 6	9.94E-01	1.09	1316	18	18	0h	4h	5041254	4080272	4751156	3958621	4282638	4089011	4275140	4501106	4908629	3873603	4524085	4216579	4164096	4684838
AT4G10320.1	tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	9.94E-01	1.15	509	9	9	6h	10h	424059	343024	445143	346105	364177	421017	365818	488463	488291	321141	371920	371180	481171	346349
AT2G19110.1	HMA4, ATHMA4 - heavy metal atpase 4	9.96E-01	1.10	41	2	1	0h	2h	643901	496908	537037	500661	541929	590660	487658	640784	656597	461313	567845	540956	575754	530975
AT5G41000.1	unknown protein	9.96E-01	1.66	25	1	1	24h	4h	8287	74426	13298	62047	39717	14927	49086	16357	17262	65627	42720	13971	27315	63190
AT5G57830.1	Protein of unknown function, DUF593	9.97E-01	1.79	28	1	1	2h	10h	733	11246	1574	10967	7933	1045	4853	4113	2761	8626	4472	2514	3607	5307
AT2G41740.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	9.97E-01	1.24	302	7	5	24h	6h	531204	189879	444905	203670	268617	422000	258035	375981	520971	153976	237436	420541	437591	349170
AT3G08943.1	ARM repeat superfamily protein	9.98E-01	1.14	28	1	1	24h	4h	10441	25523	13488	26340	21834	13591	18959	19283	14272	24748	22978	16989	24957	15468
AT5G39460.1	F-box family protein	9.98E-01	1.63	22	1	1	8h	0h	206338	211577	144417	461928	272781	226882	247318	174514	125215	557666	255450	229306	186647	345008
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	1.00E+00	1.15	506	10	9	2h	24h	987053	795463	1294859	672558	1167701	755402	837548	956900	1277754	619908	1032437	860452	872864	845002

Tabelle B9-e: ein3ei1 DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

												Normalized abundance																	
												0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (ei	Max f change	Cnrf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Additional accession			Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	8.09E-04	3.73	960	13	6	24h	2h				3240722	3076239	1541914	1290314	2947540	2277876	2359203	2333034	1979607	2374185	2569470	2104937	2694422	3911136	3018201	4480490	4470817	2740311	9810144	9067421	5415141
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	8.88E-05	3.11	755	13	6	24h	2h				3133510	3228285	2201103	2224951	3402313	2080293	3936917	2641692	2271152	3192081	2770392	2541117	3267583	3428458	3475035	5425356	5040456	3700013	9920626	7191149	6871254
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH3A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	3.20E-04	3.71	795	12	6	24h	2h				1422887	1479174	841548	1038495	1593090	1034267	1564147	1514994	1136072	1681708	1403039	1209791	1654258	1968734	1559134	2537990	2432077	1432889	6139481	4463545	2991636
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	2.99E-03	2.30	829	10	7	24h	10h				2907718	2266549	1915392	1603190	2062749	2072026	1954651	2639717	1200508	2576139	3208235	2595648	2039854	1849630	1930347	1217617	1458790	1051718	2650710	3317204	2508294
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	9.94E-03	2.03	626	10	8	24h	6h	AT2G02930.1			15922573	16739377	12055227	9535015	15265923	9876618	11875260	12424217	9526595	14171002	11304885	9162628	12583663	15275921	12145455	17610078	16273933	10994756	24898449	26579312	18766081
ATCG54500.1	PQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	1.26E-03	3.04	405	8	3	24h	6h	ATCG54500.2			767339	725396	552077	556820	775213	486202	878043	564308	585507	877484	790570	651443	737682	768662	699880	969100	969090	725310	2776834	1522155	1232105
ATCG54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	3.61E-03	2.44	633	8	3	24h	6h				584754	716250	395547	545732	758779	609669	827794	693426	656361	756086	611438	724501	692772	937504	824998	1038444	1098080	697261	1620014	1556969	957556
ATCG54990.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	7.38E-06	2.14	571	9	9	24h	10h	ATG1G44990.2			9587961	985616	8355155	723631	8612369	671191	10095058	7735519	7684821	743144	774130	816279	733870	756588	782924	787264	704917	1688457	1725835	1329209
AT1G24200.1	Cytosol aminopeptidase family protein	3.46E-03	2.11	367	6	6	24h	6h	ATG24200.3			1448724	1549888	1075028	1226949	1509578	1117742	1777677	1265746	1471013	1162365	1290282	1169309	1283193	1609037	1478664	1639763	1804360	1355347	3174706	2370119	1909752
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	1.96E-03	2.73	632	6	6	24h	2h	ATG1G30810.1			840554	1246056	639263	687868	718876	566017	740761	801658	604576	881381	750439	727925	835993	961860	1047301	1270094	1395801	839560	2280603	1907407	1197908
ATG1G05010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	6.49E-05	2.86	506	6	6	24h	0h				694464	726445	489366	560325	805460	569933	900985	759375	593471	847798	751026	545117	923081	1184442	1075574	1230682	1303997	1056671	2055997	2008856	1390057
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	7.20E-04	2.18	469	6	6	24h	0h	ATG05090.1			175607	183562	241396	300341	217594	189267	351752	222225	265256	357935	287427	304932	336771	294914	284064	454238	418565	395586	531892	438087	337135
AT2G02010.1	OAS4 - cysteine synthase 4	6.76E-07	20.75	356	7	7	24h	0h	ATSG17310.1;AT2G02000.1			36967	36096	20117	13115	21643	25129	21747	29432	26107	18595	29354	36264	41835	29054	56506	85427	74223	129597	732404	439837	231480
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	6.63E-03	2.09	264	5	5	24h	2h				392719	348725	300890	277069	479358	342518	429299	273658	278950	382371	434200	362045	372888	599371	472539	511493	560282	552237	843191	727302	485163
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.44E-03	2.58	330	5	5	24h	2h	AT3G19010.2;AT3G19010.3			593214	790747	606081	404152	894507	476312	749405	651818	636461	859499	875777	619486	1061411	1112931	829963	1062203	882549	576768	1604850	1794977	1182068
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	8.77E-06	3.07	282	5	5	24h	6h				613000	769746	437922	508770	838984	648083	771267	648191	555386	612161	673742	594494	645292	837161	816573	1081761	1101304	909339	2173499	2122467	1304297
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	2.22E-04	4.05	325	5	6	24h	0h				109220	192874	137126	95814	134382	84211	160144	138018	84785	161115	186119	114001	140123	130400	168320	162506	258484	165947	594534	367574	311904
AT3G22060.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	7.54E-03	2.30	274	6	6	24h	4h				253262	340249	313670	151358	248948	218072	149614	229081	215912	196513	259204	243200	165882	211687	251187	163854	331951	251994	467251	551832	350346
AT2G22240.1	unknown protein	3.20E-03	18.31	135	5	4	24h	4h				6325	9832	4070	2197	629	3907	1297	1653	6545	15464	24794	20102	4193	13825	9696	34096	23086	15503	70517	36459	16281
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	1.30E-02	3.26	177	4	4	24h	4h				62853	53401	29375	37811	43390	18104	23992	41568	12706	47284	35676	28754	31819	40235	41751	46131	74963	36828	104428	92759	58151
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.80E-04	2.65	203	4	4	24h	2h				199501	243780	206507	214255	232946	176857	293677	226650	197257	269858	280165	217758	270016	239608	279218	317481	293827	270579	697314	577859	376435
AT5G09810.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	9.91E-04	2.10	294	4	4	24h	4h	ATG53230.1;ATG03340.1			367657	413690	345201	369722	452417	300578	540226	408527	429907	331025	357451	276963	491946	433916	470416	539213	447977	496116	868982	612453	545675
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	6.85E-04	2.45	171	4	4	24h	0h				142526	175903	144582	131642	140357	102357	168167	156347	178381	163181	165074	126191	130453	176562	134638	207435	191374	154392	398448	294142	223656
AT1G27830.1	Curculin-like (mannose-binding) lectin family protein	6.56E-04	2.65	274	4	4	24h	10h				477179	424269	356473	244478	321418	312790	251573	236747	296585	393531	311593	324787	488949	309157	385517	232359	192166	138207	627535	510878	355086
ATG5G22500.1	HSP70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	2.00E-02	2.82	259	4	4	24h	2h	ATSG02500.2;ATG09440.1			76238	110743	132251	119803	106892	65821	146194	162640	149104	111333	158241	144716	280813	152032	273566	213118	216355	196777	407444	341117	275729
ATG05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, IDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	3.04E-04	3.66	285	4	4	24h	0h	AT2G29690.1			110712	82449	75151	103394	89826	101747	117923	76326	75022	107790	94353	89785	109414	98417	108794	153277	197744	129114	507263	296985	177043
AT4G15530.1	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	2.28E-04	2.28	228	4	4	24h	2h				265635	237193	232439	160917	190957	125429	226253	244025	183786	242814	189852	213680	194417	258649	212443	178216	173827	158439	436594	362059	291626
AT4G20830.1	FAD-binding Berberine family protein	2.74E-03	2.84	147	4	4	24h	4h	AT4G20840.1			89819	101386	91724	67044	78834	72141	76156	79146	70203	115329	97616	70827	91949	93991	89687	118063	122669	78041	122269	185074	121350
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	4.03E-05	8.33	204	4	4	24h	4h				108053	149123	107346	55012	115719	80247	59736	100952	77680	119335	102662	78476	88905	152389	110391	193002	189215	102992	1002252	635838	347087
AT3G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	7.30E-03	2.42	240	4	4	24h	2h				118094	188416	139754	91997	124847	97409	105404	143307	85059	119685	121729	132608	141886	219295	159891	177948	193890	139717	299130	307139	154364
AT1G60740.1	Thioredoxin superfamily protein	5.24E-08	35.97	230	4	4	24h	0h	AT3G53230.1;ATG03340.1			40194	45613	18280	16074	21020	29717	19633	20366	36358	64288	57156	48615	67338	67472	127719	242108	314729	161356	1145098	757225	500553
AT3G45220.1	KNOX inwirtsav/pectin methylesterase inhibitor superfamily	5.19E-05	29.18	378	4	3	24h	0h				21446	42174	20883	14841	22728	10859	14182	13871	5326	12395	23478	5526	22641	23008	27209	11202	16778	8716	653421	203640	118975
AT4G16760.1	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	6.92E-03	2.36	178	3	3	24h	2h				348686	344774	217394	237567	312853	268268	386810	291524	254798	276874	318996	304482	250870	404754	368878	358730	374730	323309	895968	579969	457288
AT5G02490.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	3.09E-03	6.84	79	3	3	24h	2h				29327	83119	90229	30088	11545	15254	5298	62352	68771	106473	81842	79732	35559	55954	36718	144576	113151	33965	183816	106529	98750
AT1G02060.1	NFxL4, V1 complex, subunit B protein	2.58E-03	2.07	261	3	3	24h	2h	AT4G38510.1			258923	278334	222746	170012	157651	205441	207818	204297	128375	165603	223606	228580	183161	158619	225210	207540	161390	138022	132372	184724	134510	265668
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	4.97E-03	2.35	158	3	3	24h	6h				333879	343566	232645	220612	193938	222398	171834	298023	307147	237047	128383	258978	241109	270644	300935	360178	318938	257473	662388	409694	396626
AT2G38860.1	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.70E-03	4.67	101	3	3	24h	2h				41652	49598	37266	28436	39517	24894	37212	36402	20030	55839	35474	26833	45805	55089	44598	65952	90335	37236	222966	145269	64930
AT4G20850.1	TPR2 - tripeptidyl peptidase II	2.07E-03	6.42	123	3	3	24h	0h				47747	9775	10491	7144	48994	67412	20626	25502	10788	6100	7468	9388	25412	39195	52198	18677	24008	25488	41630	58138	47575
AT3G57240.1	BG3 - beta-1,3-glucanase 3	4.74E-02	8.44	141	3	3	24h	4h				13086	23093	28586	5667	18933	23128	2464	8965	18915	14021	25901	5266	13187	50540	9955	45604	59775	11424	116797	91584	47848
AT1G76680.1	OPR5, ATOPR1 - 12-oxophytodienoate reductase 1	1.45E-02	2.46	202	3	3	24h	4h	AT1G76690.1			80936	111645	62114	141827	123417	55757	190042	146537	111736	130019	144522	135274	154970	177401	148053	187845	151798	114276	201166	227616	196585
AT2G21620.1	VAD1 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	8.27E-03	2.83	173	3	3	24h	4h	AT2G21620.2			47762	46305	34078	27894	45829	34588	30298	44671	25003	36060	22488	25143	23009	31610	45328	38221	37195	28543	112727	62493	62284
AT5G13200.1	GRAM domain family protein	1.13E-03	4.18	111	3	3	24h	2h				34223	68829	64031	41064	47792	23087	59769	82709	59128	84286	71666	65332	60675	88024	98005	56233	80699	61366	244595	108850	114819
ATG1G16710.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	2.36E-02	2.20	131	2	2	24h	0h				250404	361484	327573	317561	280862	195152	359926	390831	257766	426868	365980	358728	360797	432434	314996	494530	600676	321862	788991	530623	422709
AT4G15550.1	amine-rich repeat (LRR) family protein	3.04E-02	2.88	50	2	2	24h	6h				43639	50789	40101	29675	50957	38025	31686	38056	21873	24151	21904	22556	25363	41247	31429	28301	58567	29844	89341	69232	42147
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	9.84E-04	2.45	165	2	2	24h	6h				645126	509897	635235	788900	648270	566564	559413	571776	400850	371771	489146	336217	548327	535325	513816	453862	592001	553743	1179673	1046679	710511
AT1G54100.1	ALDH7B4 - aldehyde dehydrogenase 7B4	3.65E-05	2.75	98	2	2	24h	0h				112488	130181	103831	80673	75032	65224	64372	101329	91539	75831	103826	108956	113649	99935	123975	164674	131291	159383	136489	251978	197305
AT3G28940.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.51E-03	2.50	148	2	2	24h	6h				115010	135306	125964	123705	115599	124554	158449	118427	90664	117113	113029	98231	132232	161468	127896	147974	138800	164220	401271	230795	188118
AT4G34200.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	6.36E-03	2.06	111	2	2	24h	6h				54727	80226	84961	74011	81067	83772	74011	81097	71676	77444	62976	67174	72437	61242	52205	98302	80469	92877	102010	93149	100146	136693	100625	85067
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	6.24E-04	2.37	200	2	2	24h	10h				223041	206835	299202	141004	203462	182482	146835	159607	80102	186579	148176	148218	168665	212450	119554	106305	258853	267475	275748
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	1.84E-03	3.39	106	2	2	24h	6h				114591	76418	79075	80646	110257	122105	58668	83092	46493	54330	39066	30349	84202	112379	104550	65919	115377	50397	118715	171871	109049
AT5G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	6.46E-03	2.68	111	2	2	24h	4h				73943	54739	84380	39425	59625	81046	51205	53209	30834	44958	44830	44124	85441	69890	43300	35424	45028	71532	96368	55972	
AT1G56070.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	4.63E-03	2.05	127	2	2	24h	2h				256065	326700	240222	257322	179872	162188	213844	351960	196813	282236	185943	130886	186542	316505	344919	315274	329419	282157	421861	435267	370403
AT3G56350.1	Pyruvate kinase family protein	1.18E-02	2.73	81	2	2	24h	2h	AT4G26390.1			106358	154152	73924	136572	129498	97099	195754	130776	128607	174065	127915	134814	142323	175136	117083	146660	154757	110050	441062	277548	194858
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	5.59E-03	2.31	139	2	2	24h	4h	ATG66280.1			35250	44028	31426	34475	49595	57970	51903	41826	49147	39248	29928	52225	53374	67583	60447	77749	50475	40754	97803	80860	76993
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	2.40E-02	2.15	97	2	2	24h	6h	AT4G27520.1			279060	347455	128891	359780	395908	345104	570892	399844	391259	311079	357327	310660	375181	314229	444297	453877	377356	328985	558127	612475	456004
AT4G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	7.83E-04	3.52	92	2	2	24h	4h				43336	62319	44825	33928	40805	32545	33364	28656	25498	42468	21381	37092	48292	30817	48988	43762	43306	54932	148848	87274	71736
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	6.08E-03	2.46	104	2	2	24h	4h				23474	12685	35963	37282	31629	15568	17717	36102	26189	37819	39591	35295	55713	42443	40905	61844	60012	42806	81733	69754	45608
AT1G69410.1	ATEIL5A-3, ELF5A-3 - eukaryotic elongation factor 5A-3	7.58E-03	2.44	147	2	2	24h	4h				33773	75732	38548	49637	33712	60580	102225	69202	79789	57639	48740	77801	60246	81737	95896	81772	98963	73655	105204	126963	105037
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	2.53E-02	2.59	70	2	2	24h	6h				14132	14480	17249	12942	16045	7296	17239	12466	12214	24852	15021	15079	12306	23150	15961	23776	19785	12835	41017	25397	27627
AT1G22400.1	UGT85A1, ATUGT85A1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.65E-02	2.62	68	2	2	24h	6h				95641	136685	66237	135361	134892	89274	137656	168350	105217	157442	120939	95907	180606	112348	176087	190754	135478	102335	269986	295609	215960
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	1.11E-04	2.88	132	2	2	24h	6h				65616	69577	62231	69074	65577	72122	47993	65343	54545	37407	38471	31648	59491	68536	81456	82513	57681	57410	135672	92634	81468
AT3G45640.1	ATMPK3, MPK3, ATMAPK3 - mitogen-activated protein kinase 3	4.36E-02	3.24	77	2	2	24h	4h	ATG01560.1			2875	15980	8843	10080	17505	8318	9447	16296	13320	18445	12529	22553	18418	23654	15088	29754	31720	12945	24979	42408	22386
AT2G27850.1	UDG3 - UDP-XYL synthase 6	2.39E-03	9.17	137	2	2	24h	4h	AT1G64440.1			7206	27984	15303	6084	12864	5059	4101	12349	4299	6986	4248	8731	15087	19901	25125	25691	14685	10522	94906	66844	21380
AT4G21580.1	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	1.75E-03	2.10	136	2	2	24h	6h	AT4G21580.2			112856	123178	91122	65068	94584	84119	108514	72957	59902	76395	78510	76687	97393	126138	106973	99967	92745	95818	204646	141393	141015
AT5G07350.1	Tudor1, ATTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	3.69E-02	2.54	102	2	2	24h	6h				54826	50797	70884	49326	81416	65361	83046	56995	40755	42657	34304	51909	86011	63100	66249	58398	44924	61844	150307	112444	64836
AT5G28540.1	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.80E-02	2.66	147	2	2	24h	6h				44364	49632	47808	30276	30635	27543	40609	41405	27496	25962	31190	31204	24242	55821	42676	47469	52675	46441	82050	47780	49729
AT2G25570.1	PB1 domain-containing protein	2.12E-02	2.91	122	2	2	24h	6h				34786	44379	47532	24405	23983	24236	37098	33115	32265	36658	44270	28697	29750	30581	31629	37009	61992	42774	111611	67316	32459
ATG5G24620.1	ORP3C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 3C	1.24E-02	2.45	105	2	2	24h	6h				45445	68522	65182	52177	42189	32996	43263	54970	36399	76898	36620	51891	79077	54207	68811	67083	57564	57591	143894	89808	78863
AT1G51760.1	IAR3, IR3 - peptidase M20/M25/M40 family protein	9.64E-03	3.47	99	2	2	24h	4h				42761	35741	47353	27671	48707	42749	37307	19923	58548	39061	51093	40126	43633	101209	43356	77795	71167	57267	206076	113317	82793
AT1G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	9.41E-05	14.09	149	2	2	24h	0h				1998	9386	6089	13001	5904	1776	9391	6010	7369	6677	7971	10253	16004	12853	13988	28925	21354	26264	113031	85183	47987
ATG3905.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	4.88E-03	8.93	82	2	2	24h	8h				4020	20466	15214	13614	6322	4027	13853	11647	8427	12836	10814	22648	4174	6459	7483	27545	13527	14562	91924	38109	31714
AT1G26390.1	FAD-binding Berberine family protein	3.66E-06	117.34	134	2	2	24h	0h	AT1G26400.1			1192	1479	1711	1735	1730	923	1646	4158	1667	2460	2222	1092	1941	2727	6649	3421	7659	2744	363568	115057	35554
AT5G41790.1	MAPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	3.28E-02	2.90	114	2	2	24h	4h				22443	13687	3482	24848	26305	17795	45533	32456	27406	21633	19188	16001	22228	33866	31597	28512	17136	13477	26112	35371	50326
AT1G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	8.02E-04	3.21	125	2	2	24h	8h				18506	19973	12149	16560	28831	35305	20486	17837	16266	19701	13449	15097	14438	13972	16057	13681	19102	20304	64413	44427	33815
AT3G49110.1	PIKI3, PIKKA, ATPIKI3, ATPCA - peroxidase CA	4.36E-02	2.35	85	1	1	24h	0h				571675	905518	583161	338162	557859	411286	463160	466375	413692	456055	582355	429837	508503	651798	575215	544575	693171	442442	1664686	809944	607704
AT5G04230.1	HIS, PIH-4 - pathogenesis-related 4	1.21E-02	2.41	54	1	1	24h	4h				307843	273413	154614	196382	206248	137461	183667	145115	114898	180794	160781	112571	213838	253120	200480	215745	272644	140414	425554	385377	210919
ATG1G00310.1	aspartate/glutamate/uridylate kinase family protein	2.39E-04	3.11	21	1	1	24h	4h				317251	312930	168585	182154	266256	186643	260258	150518	157178	201164	264326	206734	191045	207602	210946	435739	461262	305521	700261	587512	476068
AT1G31060.1	PBE1 - 20S proteasome beta subunit E1	4.70E-03	2.18	125	1	1	24h	6h				75579	116236	89041	81181	114945	78517	67250	95853	106150	140090	73701	127926	138778	162775	161706	204782	184708	128180	222336	228210	137449
AT1G78380.1	GLCS, GLTS, GTS10 - glutathione S-transferase TAU 19	1.90E-02	3.11	29	1	1	24h	6h	ATG06030.1			27263	61118	48457	13655	32430	24626	28107	44308	19264	40711	43490	32795	34554	47010	54070	52672	50518	30928	98540	66071	54328
AT2G29350.1	SAG13 - senescence-associated gene 13	1.16E-03	4.02	62	1	1	24h	6h				172415	223606	166964	87476	266393	158658	165377	154494	161723	142435	191824	132678	176431	287971	224311	256893	236219	195253	892597	615992	368721
AT5G11160.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.40E-02	2.25	28	1	1	24h	6h				24248	31597	37756	39590	45151	23155	45863	32393	20489	29771	36665	21628	45026	27777	38495	47667	46187	48205	84250	64960	48738
AT2G06050.1	OPR5, DDE1 - oxophytodienoate-reductase 5	8.14E-03	2.05	86	1	1	24h	8h				125895	211159	100837	165719	182813	161933	161323	148238	142352	98546	193175	206225	189557	243012	256386	240619	269502	224978	341233	295374	261557
AT5G28840.1	DET - DE3P-D-mannose 3',5'-epimerase	5.02E-03	4.73	97	1	1	24h	4h				115105	229354	215517	83834	146229	83134	61259	215729	168426	211974	182193	189391	185771	195687	92886	198100	204379	142084	213634	211006	178309
ATG5530.1	MGO1, TOP1ALPHA, TOP1 - DNA topoisomerase I alpha	6.68E-03	2.47	29	2	2	24h	8h				87214	110630	88274	116232	113383	111016	63866	55786	64343	71189	29540

Tabelle B9-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit ein3ein1 GD

									Normalized abundance															
									0h			2h			4h			6h			8h			10h		
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max Fchange	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3
AT4G65970.1/ATG60740.1	TPX2 - thioredoxin-dependent peroxidase 2	6.38E-08	18.90	488	7	5	24h	0h	40479	34301	18287	12555	20789	16820	21727	20741	30343	63283	60733	50416	72378	80129	135217	248898	320915	158059	1383242	820494	525690
AT4G32010.1/ATG17330.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	1.87E-06	39.88	735	11	4	24h	0h	12126	5297	5425	12203	17384	22969	14313	9226	12713	25025	23238	23657	24304	22593	39044	110704	166754	55289	538704	265244	107133
AT1G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	5.34E-06	8.21	225	4	3	24h	4h	9721	12406	16254	14693	13392	8000	8931	10865	16161	12137	18016	16506	22652	31853	27734	33700	26748	28348	127680	117548	49958
AT4G48560.1	CSR1, AIL, ANAS, TAPS, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	1.85E-05	2.83	223	4	4	8h	0h	176926	181200	143854	353299	509352	437184	459034	412316	398677	367741	392770	410838	487183	464699	466931	413587	360082	463426	135315	270093	259149
AT1G51680.1/ATG51680.3	4CL1, 4CL 3, AT4CL1 - 4-coumarate:CoA ligase 1	1.88E-05	2.40	79	2	2	4h	0h	59258	98581	56758	135167	143976	164663	169890	134473	163851	135874	164741	129582	131699	127113	168591	132750	108311	141490	80827	61889	72553
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	2.37E-05	9.04	312	5	5	24h	2h	110531	148963	105963	56047	110139	72999	61743	94978	81876	121774	98044	74940	90884	151348	111082	198069	198260	104356	1123441	668638	370068
AT4G24520.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	2.66E-05	28.77	362	4	4	24h	4h	21775	41044	20676	20395	22900	10888	11827	13350	8544	12340	23816	7129	22603	28629	11177	18283	7585	652309	200978	116893
AT1G21330.1/ATG21130.2	O-methyltransferase family protein	3.50E-05	31.53	322	6	4	10h	0h	3009	10402	7603	38542	9709	3536	45382	17204	17879	75925	26595	23116	76108	89496	110155	217586	273374	181134	370916	142380	110062
AT1G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	3.56E-05	3.32	194	4	4	24h	8h	24817	31489	24769	27676	33212	41154	26387	23745	18738	29993	29285	23054	20336	19711	21466	25074	28230	25067	90314	66842	46803
AT4G14990.1/ATG14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.92E-05	2.07	630	11	11	24h	10h	1029764	1011953	841523	785592	953250	761262	1094706	823312	754408	748370	869074	784766	760488	812394	886221	755797	805404	803372	1731866	1790733	1355817
AT5G13110.1	GSPD2 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	4.56E-05	8.40	23	1	1	24h	0h	3713	47041	11302	45715	52266	34297	83840	46571	62287	67990	102005	75281	112750	125390	207857	345082	265650	192225	202954	168708	127276
AT4G54640.1	TSA1, TSP3 - tryptophan synthase alpha chain	6.06E-05	3.08	289	7	6	24h	6h	642574	828724	478887	557549	837405	679119	920411	695739	604190	643125	695718	605173	672318	883438	853591	1170170	1150872	969303	2312695	2256611	1425667
AT4G39800.1/ATG22240.1/ATG10170.1	MI-1-P SYNTHASE, MIPS2, ATMIPS1, ATIPS1 - myo-inositol-1-phosphate synthase 1	6.67E-05	6.14	105	3	3	6h	0h	10830	27806	9167	50513	14314	12523	90728	73736	133668	166933	127620	137479	108952	86247	93045	154506	151776	101605	83568	69704	67329
AT5G05410.1/ATG3B210.1	PDH1, ATPDH1.3, BSH, PDH1.3, ATPDH1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	8.88E-05	2.09	872	12	8	10h	0h	82987	81470	98146	1370590	1265160	1512865	1544996	1459135	1845536	1780103	1532724	1919391	1887020	1535270	1676309	2206245	1922985	1675597	1503612	1538309	1282514
AT2G43820.1	GT_UGT74F2, ATSAGT1, SGT1, SAGT1 - UDP-glucosyltransferase 74F2	9.10E-05	2.83	140	2	2	1h	0h	58291	81710	73772	52991	54807	44885	33365	47683	48213	61053	57185	56954	53857	78838	64917	55805	50467	48293	161770	102247	102108
AT3G59400.1	GUN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	9.90E-05	3.57	62	1	1	2h	24h	74241	88640	141848	142154	151053	128598	146223	96049	112039	111966	140103	122014	93670	103465	87948	91072	87917	98085	23594	47070	47189
AT5G21120.1	O-methyltransferase family protein	1.11E-04	86.57	381	7	1	1h	24h	744	416	1212	36	624	162	6269	265	1361	4803	3575	1315	6732	6389	19565	19779	28086	23354	28442	11576	9558
AT5G64120.1	Peroxidase superfamily protein	1.33E-04	13.96	135	2	2	24h	4h	10359	6127	3478	10026	4514	8023	2609	7976	2970	8768	11463	4598	10502	5234	8408	14362	21647	15480	102904	47445	38884
AT1G05010.1/ATG12010.1	ETE, ACD4, ETE1 - ethylene-forming enzyme	1.33E-04	2.16	723	10	7	24h	0h	1418753	1707503	1341191	1504068	1510153	1181111	1627378	1648455	1235762	1823639	1518354	1304475	2024081	2211584	2058456	2611819	2444334	1884438	3261016	3422162	2385927
AT5G10370.1	ERD1, CUP2, SAG15 - Clp ATPase	1.37E-04	11.84	208	5	2	24h	2h	13754	18270	7773	4616	3929	4036	3296	3734	13501	6416	3876	4466	3209	8104	3613	13895	12519	18866	68542	57270	23126
AT1G08200.1	AK52 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	1.55E-04	1.72	746	13	7	10h	0h	267784	317867	247544	426437	402246	438451	425441	411812	389843	424359	425812	409098	503824	400009	399434	518288	419893	490938	305337	378758	365220
AT4G38940.1	AKN2, KIN2.2 - APG kinase 2	1.61E-04	10.20	29	1	1	10h	0h	1093	4050	1748	7756	5901	8071	8042	9595	8619	5424	10825	12370	17475	14342	13423	28890	18495	23079	6055	16332	9249
AT4G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	2.40E-04	27.03	151	5	3	2h	0h	572	1131	947	3944	1587	705	1174	850	1388	2937	1710	6291	5244	5088	9912	5984	42723	20526	8401
AT4G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	2.66E-04	2.50	170	5	3	2h	0h	40200	42128	46252	102455	93588	125275	106655	69563	113200	58807	43245	61551	89919	63100	90501	112465	81494	105187	43553	70517	63402
AT4G26301.1	ALDH2C4, ALDH3A, BET1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	2.92E-04	4.04	1257	19	19	24h	2h	1813417	1925710	1144407	1305047	1941510	1362816	2066065	1825814	1658977	2262187	1853472	1549088	2091701	2672491	1909903	3055275	3155283	1815280	8482447	6573466	5819635
AT2G04400.1	Aldose-type TIM barrel family protein	3.08E-04	2.45	327	8	6	24h	0h	252466	316635	293069	253886	299421	317439	324178	287745	272394	343634	349872	276066	326468	411116	336111	405444	369452	325255	840534	818240	449266
AT5G20960.1	AAO1, AO1, ATAO2, AT-AO1, AO4g0a, AtAO1 - aldehyde oxidase 1	3.16E-04	Infinity	44	1	1	24h	0h	0	0	0	0	0	0	57	0	0	21	272	0	0	0	0	0	0	53	28718	6841	1887
AT5G54500.1/ATG27270.1/ATG54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	3.40E-04	3.10	400	7	7	24h	2h	1366973	1311933	1158726	959765	1346381	887991	1178449	1039552	1061959	1519581	1352178	1149192	1230654	1435849	1210755	1607451	1696734	1197138	4891141	3067928	2150883
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAP3, MSBP2, MAP03 - membrane-associated progesterone binding protein 3	3.68E-04	10.97	61	1	1	24h	2h	24811	42365	73763	19664	25828	9443	9232	32028	55621	22410	47753	43432	30405	76492	71312	45846	85014	91208	50246	275276	220799
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, GSD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTF1 - glutathione S-transferase 6	4.00E-04	3.25	940	17	9	24h	0h	4573482	4980590	2930863	2799862	4750002	3504033	4834097	3603873	3366397	4080740	3785194	3055889	3956765	5783369	5046979	7156116	6228341	4419053	13404314	14012429	8039160
AT5G58050.1	F-box/RNI-like superfamily protein	4.01E-04	2.76	34	1	1	10h	0h	411085	359867	284407	220854	258533	238233	208724	253285	288234	168697	165012	171541	188065	144962	154414	213936	183172	125390	207554	346344	298641
AT4G26880.1	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	6.48E-04	1.82	1352	17	11	8h	0h	1485993	1452454	1382983	2681868	2289935	2253776	2865799	2071191	2067443	2389808	1870713	2288959	3027583	2199041	2644445	2904285	2787256	2375643	2028091	2253927	2199582
AT4G39460.1	neoxanthin cleavage enzyme-like protein	6.72E-04	3.75	182	7	7	24h	4h	160649	140412	160899	121306	215093	150795	160224	161225	113717	185749	223383	134658	160465	174887	151588	274916	206125	208710	766401	495100	376142
AT4G02920.1	ATGSTF7, GT711, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTF11 - glutathione S-transferase 7	6.75E-04	3.65	1087	17	9	24h	4h	4917608	4585966	2718404	2003619	4361836	3496265	3401010	3142055	2916074	3641868	3675113	3035524	3920507	5919654	4271985	6491910	6088214	4042931	13825208	13340897	7372218
AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	7.09E-04	2.04	364	5	5	0h	6h	1368314	1076153	1297996	719154	602874	770534	783832	459160	869107	573668	549475	713801	714246	719307	769529	1021521	1098630	1170818	1164556	861574	955423
AT5G48610.1	TSB1, TRP4, TRP2, TRP31 - tryptophan synthase beta-subunit 1	7.10E-04	2.08	790	12	7	10h	0h	1094617	1231173	899761	1298179	1408506	1130416	1649544	1247210	1196532	1196659	1214783	1411262	1895070	1425223	1730996	1693822	1370013	2072031	2249937	1693377
AT4G48000.1/ATG23800.1	ALDH2B4, ALDH2, ALDH2A - aldehyde dehydrogenase 2B4	7.88E-04	1.34	939	17	17	24h	0h	2932344	2868505	2565682	2947615	3270900	2882469	3258052	3041535	2834867	3039507	3183288	3178105	3429105	3227856	3655068	3420029	3202464	3306300	3918065	3465767	3789646
AT2G21330.1/ATG21130.2/ATG21130.3	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	8.21E-04	1.34	3208	42	26	4h	24h	50538215	54845507	54905187	53951407	57292580	62338141	60288860	68413505	58733150	56652212	51769791	59020970	55714804	54455339	53057888	59053182	49862649	47444280	53150635	42713322	45197914
AT5G47230.1	Ethylene-responsive proteinase	8.86E-04	1.96	261	4	3	10h	6h	918994	650247	725500	520109	608749	605687	645027	393733	518648	403480	360772	419561	553006	608983	595513	697934	724123	522246	700184	658439	587227
AT2G29350.1/ATG29170.1/ATG29350.2/ATG	SAG13 - senescence-associated gene 13	9.13E-04	4.23	274	4	3	6h	0h	214132	295939	207683	110833	333355	190634	230293	206718	197175	176871	241644	160089	238805	346518	307742	318410	287928	244969	1169109	804532	475194
AT3G51060.1	GSTU12 - glutathione transferase lambda 2	9.41E-04	1.46	142	6	6	2h	24h	494697	517364	573308	508209	567934	529565	505483	464742	529902	545815	472266	557200	510215	450572	486210	475224	418630	384793	312445	395491	395080
AT4G21480.1/ATG31490.1	Customer Service Archive 6	9.56E-04	3.60	72	6	2	6h	0h	2701	5423	6004	7754	6438	5309	4880	5420	7169	4755	2013	4934	8329	4276	4871	7435	6175	4702	3841	6458	5458
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	1.03E-03	1.82	852	7	7	10h	0h	9379077	12222694	10817475	12584516	17201613	11721582	17126956	16580917	15258821	13078054	14560063	12011882	16675683	15953496	13518547	7539338	9251764	10091497	14415745	12136767	11258906
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	1.07E-03	1.70	477	8	5	24h	0h	2932005	3049911	3143789	3591516	4115273	3121201	3802211	3050518	2930277	3319456	3619651	3013961	3775564	3511087	3443367	4164841	4415555	3894546	5781155	5607224	4183516
AT3G22240.1	Unknown protein	1.21E-03	6.99	212	6	6	2h	6h	22824	31177	20267	9223	13678	12096	42137	26381	41818	46470	49485	23998	34616	49397	73275	91896	33405	26187	96085	55125	
AT4G31460.4/ATG31460.1/ATG31460.3/ATS	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	1.15E-03	2.78	156	3	3	24h	0h	15633	17608	23968	21776	30790	37050	34439	51052	33527	54990	60120	40343	60602	43067	41011	37279	46280	47238	65284	52292	61362
AT5G20280.1	ATSPS11-1F, SPS11F - sucrose-phosphate synthase 1F	1.21E-03	3.85	96	2	1	2h	0h	12020	20435	18996	31345	30161	45097	47505	42064	41030	56430	44962	54113	64430	48180	67702	59003	53811	75017	25598	34804	37611
AT1G22670.1	emb2742 - CTP synthase family protein	1.37E-03	7.32	32	1	1	10h	0h	620	830	807	3928	7184	2006	5296	2937	3188	5153	1980	2350	7901	3233	4781	5451	4568	6505	2978	1880	5421
AT1G21670.1	unknown protein	1.38E-03	1.83	109	3	3	24h	0h	1936006	204857	180108	94988	131836	147785	93625	116009	107075	109348	119280	108458	101782	130618	136659	104820	125180	125010	198764	183825	133178
AT1G78060.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	1.39E-03	1.56	2476	34	32	10h	0h	8932166	9301797	7665546	7225593	8045656	7383443	8097592	8080707	6449380	8704176	8137931	8185286	7310594	7946116	8505762	7025567	7239870	5648934	10586468	10712913	9769393
AT4G38630.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	1.32E-03	1.80	636	6	6	6h	10h	1894242	1703735	1841880	1572323	1695590	1508973	1304472	993329	1387479	1057929	852613	1253442	1464962	1175530	1397553	1921641	1799354	1969498	1824226	1648925	1506691
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	1.35E-03	3.12	180	5	4	24h	0h	57793	77519	50080	50658	59308	59307	45890	46858	40648	33236	55510	25670	49658	61304	48804	59091	52923	58285	69534	174315	107268
AT2G28940.1	AIG2-like (avrRpt2-induced gene) family protein	1.40E-03	1.85	446	9	9	24h	0h	908501	944398	688000	851241	930031	863696	851241	929519	863696	792427	801379	887246	853888	994236	1192966	856707	896070	1501834	3382447	1629178	1229871
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	1.62E-03	2.29	175	4	4	24h	4h	73351	105759	55868	77389	89302	62925	62062	91494	55872	68060	70778	73079	128404	134925	136631	124580	115706	92068	155185	218501	110794
AT4G34350.1	CUS6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	1.70E-03	1.99	453	10	10	6h	0h	370085	413655	509526	464848	471609	583960	459003	490621	602360	630000	494508	661966	467757	495189	521677	455324	425389	469828	258113	323336	317070
AT5G46600.1/ATG54600.2	Translation protein SH3-like family protein	1.75E-03	1.90	207	3	3	0h	6h	797720	778499	1040658	583983	332551	455718	525513	391689	445385	524674	509616	522270	529924	642792	542168	503399	483240	457989	756079	733822	618942
AT2G04039.1/ATG04039.3	unknown protein	1.76E-03	1.92	243	4	4	6h	10h	145744	138740	162695	114721	169872	158923	116848	166466	125149	162966	170365	192390	172169	127438	127464	96222	95836	82191	305357	126660	110128
AT3G17790.1	ATACP1, ATPAT2 - PAP17 - purple acid phosphatase 17	1.85E-03	8.26	21	1	1	24h	0h	3528	10040	1431	2111	2470	2240	7159	1798	4053	2940	3283	1717	10469	6767	8879	1630	3464	19187	15620	21580	
AT4G30530.1/ATG30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.93E-03	2.21	357	9	9	24h	0h	329847	294479	285619	283201	417717	388530	429387	269734	251031	332233	391432	327272	366436	552332	442589	517180	499611	552811	822231	710225	474240
AT2G24200.1/ATG24200.3	Cytosol aminopeptidase family protein	1.94E-03	1.84	1548	23	14	24h	6h	4104150	4147770	3127105	3569266	4061346	3155015	4274572	3583173	3632165	3553778	3884412	3357768	3862396	3965140	4097408	4247215	4691379	3621732	8424999	6049906	5003400
AT4G02810.1	Ribosomal protein L6 family protein	1.97E-03	1.79	593	11	11	10h	0h	1030845	1044652	1010869	1125212	1013802	1125624	1080845	850922	1019451	939283	1025099	1027875	1285397	1232552	1020359	1042875	1210394	1044223	1510796	1472038	1272308
AT4G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	1.99E-03	3.94	693	13	13	0h	6h	2532551	1440893	665069	725088	706981	683801	627431	707662	648856	504295	407455	546774	484804	424440	650489	361873	421000	394715	365855	479395	497689
AT4G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	2.07E-03	1.64	1185	17	17	0h	10h	6391382	5669775	4458063	4079131	4344217	4593219	3555598	4330826	4415780	4095133	4232948	4125976	3899161	4168652	3458180	3243717	3606762	3250482	4831163	5137957	4183904
AT4G37930.1	mitiz-TG-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	2.09E-03	2.37	1141	19	14	24h	0h	3023477	2734040	3593861	4296665	3742926	4256969	4796937	3281613	4977745	4950308	4695562	4929963	4919790	4343077	5724667	4040350	4564622	5715139	5564445	908778	831552	685401
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	2.11E-03	2.72	565	7	7	6h	2h	853621	1258089	639362	692524	708398	583462	760886	793380	606950	886810	769045	725894	823726	966701	1054458	1284332	1407672	849909	2284226	1913708	1194402
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	2.19E-03	2.89	579	11	4	24h	0h	223339	229832	124382	142671	206987	265772	215923	316803	267390	225214	268375	268375	216065	248910	289103	173015	321874	303647	214769	771142	563466
AT4G15530.1	PPD4 - pyruvate orthophosphate dikinase	2.25E-03	1.69	812	13	13	24h	0h	1482734	1465695	1214967	1024118	1384666	948446	1307440	1337034	982881	1304968	1094823	1086430	1123100	1166478	982887	1226778	1126531	1054159	985549	2047439	1823785
AT4G18210.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.47E-03	1.85	280	5	4	2h	6h	655607	671411	769875	612607	561601	466048	667962	586681	515004	635737	529328	472563	775079	581428	615340	741585	668158	636735	1001298	1236026	784272
AT4G40370.1/ATG40370.2	Glutaredoxin family protein	2.51E-03	1.60	398	7	7	24h	0h	836710	707253	699511	544340	687202	508124	706087	676316	753848	763644	830711	831870	855099	761386	783068	783201	775180	796303	1101403	871991	802993
AT1G76680.1/ATG76680.3/ATG76690.1	DPE1 - 1,4-alpha-glucanotransferase DPE1	2.56E-03	2.20	371	7	7	24h	0h	144301	159484	132925	149355	203963	208991	161476	270956	251624	221145	241562	245231	297745	418308	394307	572467	404350	456422	575139	556445	908778	813552	485401
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	2.60E-03	1.89	352	7	7	6h	0h	291758	240273	293285	267828	366800	308995	262748	314152	251163	228967	215593	242144	294292	373994	265422	302523	402416	347160	516003	411261	367266
AT4G39260.1	HCF1 - Ran BP2/NZF zinc finger-like	2.66E-03	1.33	1603	23	23	0h	6h	15596209	16136303	18504433	15491062	16602764	17007367	16893720	16527174	15233141	14488103	14666115	15188874	15728550	16307262	17266644	13759787	16637152	16324193	19598200	19000908	19600990
AT4G05980.1/ATG05980.2	TPK1 - thiamin diphosphokinase/ thiamin pyrophosphokinase 1	2.69E-03	1.68	403	7	7	24h	0h	1446320	1671340	1348777	1413074	1697403	1606148	2413055	1542003	2113558	1675946	1576182	1665106	1613502	1585892	1843016	2010143	2213171	2195601	3000463	2423733	2057668
AT4G47200.1	WPP2 - WPP domain protein 2	2.80E-03	2.25	45	2	2	10h	24h	84071	29785	33339	24838	46358	44688	24712	29369	33395	26945	33856	27696	29381	29936	37531	30144	35642	46049	17233	12974	19411
AT5G08490.1/ATG07732.1/ATMG00280.1	RBC - ribulose bisphosphate carboxylases	2.83E-03	1.31	4907	68	65	0h	6h	23714072	21523714	24132713	21660760	19875407	20145766	23832216	23205314476	21234190575	20944869	21360894741	20939120	20247854746	21307535	20112562031	17753882414	19040642394	19240557703	15544884420	16631037229	16285156
AT4G30830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	2.88E-03	1.61	589	9	9	0h	6h	2955242	2583755	2807733	2185382	1633248	1760943	2478168	1475429	2243973	1748995	1561699	1884226	1941215	1868849	1940495	2691575	2673735	2578866	2529995	2177032	2308958
AT2G14750.1	APK, ANK1, ATANK1, AIN1 - APS kinase	2.93E-03	3.19	27	1	1	6h	0h	3467	2646	1063	5743	5756	5994	6019	6862	9993	7353	9310	5188	7310	4757	7337	9034	7213	5173	6548	6508	6254
AT4G37930.1	MTO1, SAM1, SAM2 - methionine adenosyltransferase	3.00E-03	1.80	1561	20	12	10h	0h	3985032	3752533	4481771	5941867	6320506	6211734	6494213	5488395	5957277	7256445	5974706	6225298	7387873	6734435	6044230	8584776	7260638	6301185	6448315	6058723	6375115
AT4G37060.1/ATG67090.2	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	3.12E-03	1.35	1682	19	13	4h	24h	222636616	220648990	224468902	180691573	211654501	207870664	246908021	199962104	210637057	239717880	202003540	240239321	229979242	209624897	218496525	181797536	186474995	195807702	148308252	180090088	174476902
AT4G20460.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	3.15E-03	2.17	4183	50	47	6h	10h	77591592	70561400	55113092	49232651	61238970	73194639	49804114	72133624	42678402	68985720	95335123	81905726	55078125	58229099	63180881	41067089	37569496	33020147	60701583	89325240	68158560
AT4G39410.1	ATNAD4 - NAD kinase 4	3.24E-03	4.36	107	2	1	24h	0h	5442	15154	10171	2324	34885	22774	23824	36517	32794	31535	32872	22794	33231	24235	22538	43466	34825	35121	42837	49768	43169
AT5G17990.1	TIP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	3.28E-03	2.03	329	7	7	24h	0h	386474	474943	368965	314661	418222	321264	458222	369096	399015	421469	490496	314469	364836	417185	352445	481730	493686	434521	920485	720867	530184
AT5G53210.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	3.37E-03	1.32	1924	26	26	2h	24h	26015504	25096992	25345501	25265429	28384530	28535766	24604598	25826324	23847093	27544317	25847743	27684935	28322912	26525458	27586863	26488883	27220926	27159265	27535703	25782626	27672201
AT2G38230.1	ATPDK1.1, PDK1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	3.37E-03	1.52	801	10	6	6h	0h	441357	420376

ATG78570.1/ATG53500.1	RHM1, RDL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	7.43E-03	3.59	143	5	3	0h	6h	31205	27158	47692	132045	68516	56557	176120	91790	102117	139488	39486	62195	129278	73129	109557	151042	115654	106422
ATG42860.1/ATG28660.2	PSB28 - photosystem II reaction center PSB28 protein	7.45E-03	1.57	118	2	2	0h	6h	467160	409157	481043	457522	486093	413524	466828	367667	291631	363428	249951	251543	392149	384069	407931	249968	311153	321271	420404	339557	333886
ATG63738.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	7.62E-03	2.52	177	4	4	24h	24h	78620	111595	92642	78740	94160	86703	124294	96055	69105	104905	85241	111846	102283	137552	97913	120039	113506	98330	103813	108277	145140
ATG26390.1/ATG26400.1	FAD-binding Berberine family protein	7.65E-03	Infinity	213	5	2	24h	0h	0	0	0	388	0	0	0	121	421	0	0	0	0	2237	0	2252	0	357604	115127	27136	
ATG56477.0	TH1, T2, TH4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (TH1) (TH4)	7.68E-03	3.21	508	7	7	2h	24h	899527	1386554	1771599	2708133	2402168	2814241	2583861	2416677	2733958	3227750	1670247	2837467	2986312	2611167	2074232	2412368	2258021	2223384	525990	766180	1172864
ATG52490.1/ATG56410.1	Heat-shock protein 70 (Hsp 70) family protein	7.76E-03	1.86	2111	32	6	24h	24h	258120	286562	236306	209568	278210	206437	317702	357117	277936	353095	332306	260454	305950	298769	266164	455164	352747	251926	446462	452532	389936
ATG21620.2/ATG21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	7.92E-03	1.85	160	6	6	0h	6h	192514	190601	181339	150021	200314	180044	128141	186747	160871	170297	139653	155622	153611	154658	180852	187563	173218	145895	381486	266071	212321
ATG48460.1	GGR - geranylgeranyl reductase	8.02E-03	1.88	167	4	4	6h	24h	102184	108377	156857	197371	143774	142190	215704	138297	152041	184039	185084	169561	176548	120994	149486	174727	133160	182599	86326	98535	102164
ATG62580.1	NAD(P)-ubiquinone oxidoreductase 24 kDa subunit, putative	8.09E-03	1.98	23	1	1	24h	24h	16509	19611	16960	20086	16189	11394	22391	18518	21246	19015	18628	14720	19046	20020	28877	22431	21223	15706	27372	37027	29946
ATG61760.1/ATG61760.2	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	8.13E-03	2.34	292	6	6	6h	24h	423773	415063	265303	288007	373073	303562	445345	326237	284175	337373	397394	351609	298492	469873	424630	413306	454786	414292	1054488	684111	525801
ATG05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	8.14E-03	1.54	288	5	5	2h	24h	246128	237004	206792	270665	305852	268813	316483	244146	215380	309298	224149	194427	198231	232464	228866	214438	221229	186641	223177	183102	199939	207324
ATG23050.1	IAA7, AXR2 - indole-3-acetic acid 7	8.16E-03	4.05	21	1	1	24h	24h	51944	43070	75835	36749	16829	14210	21035	16064	73318	63954	36914	85990	35433	42232	19577	64506	83537	41609	19720	16634	24591
ATG47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	8.29E-03	1.70	153	2	2	6h	24h	182604	154852	157480	110880	100010	129011	136064	160278	141754	85377	188623	176460	198741	161603	147651	129373	139375	118388	99854	210122	233260	165260
ATG35100.1/ATG35100.2	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	8.42E-03	1.37	225	5	3	6h	24h	172626	175007	310675	328923	407153	415129	353009	334546	383498	290996	282471	282589	337669	383881	408329	265659	290858	282465	280978	394123	338738
ATG53160.1/ATG56280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.48E-03	2.09	203	4	3	24h	24h	165695	211180	229407	204329	220763	150031	223437	253779	212597	248004	242771	230932	224722	297044	264335	376204	405901	217580	532374	367943	301536
ATG19010.1/ATG19010.2/ATG19010.3	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	8.51E-03	2.30	624	10	9	24h	24h	1190045	1465691	1313410	874892	1521631	843516	1378262	1087257	1122976	1700274	1600349	1518285	1839083	1880134	1540582	1905067	1606443	1077528	2565740	2924557	1959773
ATG12940.1/ATG12940.2	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase family protein	8.51E-03	1.53	365	6	6	2h	6h	583216	458299	403922	447185	614376	638019	460095	479524	354765	367955	407650	348002	498186	524936	493589	399244	375511	379700	480222	545494	488753
ATG41606.0	unknown protein	8.54E-03	1.97	45	2	1	6h	6h	16343	14700	15403	10649	16976	14311	13772	13828	14163	9288	6298	10227	11507	19244	20208	15237	11739	10746	9240	6898	11065
ATG50800.1	structural constituent of ribosome	8.61E-03	2.69	821	11	11	10h	6h	7509967	7257865	10016669	9522314	6914437	7777157	11227170	5100332	9193542	5802006	3617784	4998481	8694448	7689931	8067771	11279707	12058835	15445450	7860011	5237706	6181898
ATG54450.1	Phosphoribosylanthranilate transferase family protein	8.74E-03	7.12	33	1	1	10h	0h	305	211	277	2261	839	1748	1677	2221	1610	1127	1222	1635	3448	355	792	2729	930	1984	1080	1629	1679	
ATG56760.1	LEA4-5 - Late Embryogenesis Abundant 4-5	9.00E-03	8.50	54	1	1	2h	2h	3467	4259	2096	588	306	262	6795	781	186	610	793	834	656	1788	1939	610	319	1501	1667	481	1231	
ATG11450.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	9.05E-03	1.35	165	3	3	24h	24h	309345	288885	368488	294573	260053	254077	249843	245370	231181	241497	294157	285614	234764	238802	262529	247002	280536	246411	239445	251891	226251
ATG34697.0	ATPHF2, PHF2 - alpha-glucan phosphorylase 2	9.41E-03	1.38	1202	22	21	24h	24h	2669582	2654288	2899222	2845821	2646606	2698223	2903910	2055378	2456765	2231137	1720596	2083537	2119883	2097052	2134900	2422939	1879025	1754696	3094629	2509956	2719321
ATG23540.1/ATG23540.2	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	9.55E-03	1.49	492	7	7	24h	0h	338853	458297	321584	437621	496198	386012	545881	442716	523514	505754	408342	450868	401670	449786	458159	590009	483917	548473	558311	589058	521442
ATG20090.1	RPS7.1, RPS7 - ribosomal protein S7p/S5e family protein	9.60E-03	1.92	191	4	4	6h	6h	589404	447332	710077	540559	397009	519321	518004	353016	361883	309787	372144	344176	450076	436632	441346	588605	352302	351202	609855	609885	477956
ATG21780.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing protein 2B	9.64E-03	1.45	481	9	5	4h	0h	396162	425321	412197	474329	462331	450370	756160	537447	636218	575649	514043	624055	557312	539863	635923	627687	548443	498230	865659	660358	560297
ATG13750.1	Purple acid phosphatases-like protein	9.77E-03	382.84	68	1	1	24h	24h	1351	24829	20067	6863	89	6040	16671	11438	215	8486	4962	143	10109	7938	17783	9217	12017	9984	67	0	54	
ATG16080.1	unknown protein	1.00E-02	1.19	832	18	17	0h	6h	2318416	2418422	2417751	2288542	2264608	2486460	2372222	2292502	2498650	2490941	2293156	2454871	2229278	2188923	2231837	2162727	2492616	2120389	1925174	2066154	2054402
ATG25660.1	Amidase family protein	1.00E-02	1.42	297	7	7	2h	24h	190702	211435	254595	267965	217675	199195	193777	193663	208021	216170	204671	204317	224327	197943	228338	187358	178204	162397	137998	175630	169604
ATG50190.1	RPOB - RNA polymerase subunit beta	1.02E-02	2.10	23	1	1	2h	2h	63182	67326	57964	59621	44590	38153	59359	93193	76285	74033	68416	95717	88072	61313	82267	84672	117100	63584	100174	109644	89741
ATG54760.1	Domain of unknown function (DUF3598)	1.02E-02	7.67	52	1	1	2h	10h	21105	16016	23158	50794	45445	16055	23150	26456	18833	18855	14183	10885	22228	6057	24586	2750	5961	6777	12250	13742	42387
ATG38220.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	1.03E-02	1.59	179	4	4	2h	10h	432142	429998	417165	439042	425619	468779	307365	387799	460191	465597	328971	423776	378727	419090	484858	262234	260759	317920	426272	489084	375724
ATG21740.1	Uncharacterised conserved protein (UCP030210)	1.03E-02	1.69	150	2	2	4h	0h	147976	160214	109751	180023	199894	206664	289190	202183	216038	204536	192548	175911	185774	200009	174189	168246	180314	155702	175252	225215	168356
ATG59170.1	NCD2A, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	1.04E-02	5.07	119	3	3	0h	6h	7779	30436	39040	11417	5653	8753	10435	14205	7563	14016	11896	6805	9765	6767	7563	5103	5443	3684	6339	3550	4130	8131
ATG41290.1	Copper amine oxidase family protein	1.05E-02	2.34	34	1	1	24h	24h	13526	15740	31047	13263	16733	17447	23523	19164	24693	25024	26551	24130	14175	15442	13976	18540	28367	21204	45525	24832	31810
ATG31810.1	Glycine cleavage T-protein family	1.06E-02	1.22	2211	29	29	4h	24h	1744699	1740123	1575144	1944784	1945122	1870903	2183786	1866559	2091944	1965198	1802951	1743958	2051048	1744624	1702590	1850815	1744578	1446630	1766206	1743226	
ATG60760.1	Chitinase family protein	1.06E-02	20.68	51	1	1	24h	8h	1749	13102	8249	1917	0	0	2118	1277	8844	4744	1139	3541	0	1401	0	1587	4130	12421	8865	12894	7209	
ATG74970.1	RPS5, TWN3 - ribosomal protein S9	1.07E-02	1.66	416	6	6	6h	6h	1185412	912401	1141076	874967	597796	775737	932123	557238	772111	736806	522622	691400	792903	732540	719912	975816	1124768	1122989	1082446	791371	876376
ATG55410.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.07E-02	1.44	1307	20	15	24h	24h	1063220	1054455	1157323	1030407	1044143	1004174	1047465	1007753	1001155	1108417	1079005	1004426	1143708	1148498	1004987	1228695	1179962	944478	1789278	1428874	1212261
ATG54210.1	Ribosomal protein L17 family protein	1.08E-02	1.75	146	3	2	6h	6h	295909	224920	278803	210087	104470	179469	161020	126298	188415	156120	132595	167451	190564	167025	170534	233607	296618	213631	224075	206454	191198
ATG62480.1/ATG01480.2	CYP38, ATCYP38 - cyclophilin 38	1.11E-02	1.22	1159	13	13	0h	10h	7257059	6760959	6126143	5525829	6682733	6393811	6498898	5905084	6042045	5790654	5468781	5441771	5908555	6038852	6081127	5478668	5634764	5490049	5820884	6450157	5754309
ATG57790.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.11E-02	6.90	165	4	4	2h	6h	17621	21164	8537	4631	13999	12207	11846	11345	9257	26346	18451	25586	19866	48695	21709	13343	28737	19554	95323	85297	72890
ATG61130.1	PDCB1 - plasmodesmata callose-binding protein 1	1.13E-02	48.11	20	1	1	24h	0h	771	513	5692	225	16	430	696	776	19972	11991	8275	12005	4203	194	417	7966	15072	4727	1683	847	1091	
ATG05160.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	1.13E-02	1.92	343	7	7	24h	8h	161518	132267	129907	119445	82954	107035	119493	132042	94924	149073	167872	153474	78134	141849	77293	164987	132459	116942	122892	199318	148248
ATG20280.1	AGG1/AGG2 - arginine N-methyltransferase 1-protein 2	1.13E-02	1.34	2747	47	18	4h	0h	3623806	3581616	3784550	4586666	4597405	4670419	5038172	4586259	4463498	4248604	4529891	4463498	4772368	4747255	4224816	4725206	4542728	4441259	4874629	4664160	4674447	4222506
ATG62745.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	1.14E-02	4.18	109	3	3	10h	10h	826232	462570	157796	156079	213623	143367	231603	195366	117524	134494	122271	95353	131793	171519	143219	102357	137891	105696	245273	310782	242884
ATG38970.1/ATG38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	1.14E-02	1.23	3628	43	26	2h	24h	3206974	3224660	2436306886	1154649842	1135441409	1422229564	1403454572	1450103090	1397056422	1225959102	1227895137	1136410278	1318785598	1306203198	1242166885	1231272052	1208846443	1220438805	1252991135	997749991	1168221318	1217816186
ATG52080.1	AGG1/AGG2 - arginine N-methyltransferase P-protein 2	1.15E-02	1.98	115	2	2	6h	6h	422806	401289	523138	2562241	221358	208802	362316	189952	260377	216465	210469	152383	216734	188007	286755	270816	450799	298999	346560	391672	331707	311420
ATG60660.1	RPL20 - ribosomal protein L20	1.16E-02	3.43	40	1	1	10h	0h	5549	4801	6423	2415	518	2842	1496	2912	1922	1107	3091	2758	2078	2392	2482	5568	7091	7176	2246	3832	4113
ATG61150.1/ATG64200.1/ATG08560.1	ATG8E, ATG8 - autophagy 8e / ubiquitin-like protein ATG8 family protein	1.16E-02	1.35	595	10	10	24h	24h	1040980	1166753	1131603	923737	1009783	934956	1023570	994693	1033765	1006907	1026464	1006207	1164604	1112276	880324	1012791	981761	946761	1103861	1225711	1164148
ATG51970.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	1.20E-02	1.20	1274	11	11	6h	24h	2369976	2471498	2530586	2344737	2563079	2144624	2530586	2343747	2563079	2140562	2560370	2496300	2297349	2506062	2175460	2413659	2250069	2369543	2230152	1960828	2076305
ATG35010.1	ATPURM, PURS - phosphoribosylformylaticinamidine cyclo-ligase, chloroplast / phosphoribosyl-aminoimidazole cyclase	1.22E-02	1.31	141	3	3	10h	6h	276062	294824	262341	261549	297214	261968	357662	330309	385796	289614	342033	291384	300002	284711	255798	279038	280931	261832	311267	357278	274686
ATG22400.1	UGT85A1, ATUGT85A1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.22E-02	2.40	153	5	5	24h	24h	273543	281459	156155	219445	165622	274539	288675	171473	281827	236133	302857	231182	249299	248031	274157	216274	444082	279231	236080	464631	680595	615091
ATG43440.1/ATG59540.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.25E-02	1.78	31	1	1	24h	6h	771	1226	1145	1007	1101	927	1397	1368	2083	1434	1881	1357	982	966	1714	1882	1191	1155	1484	1010	
ATG18470.1	Curculin-like (mannose-binding) lectin family protein	1.25E-02	2.93	117	1	1	24h	0h	22061	29076	11817	18724	28075	12640	33375	21358	16127	21287	36676	15852	31880	41936	39578	49107	42717	31330	64450	78417	61349
ATG59161.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	1.26E-02	1.64	1308	18	16	24h	24h	1919990	2094441	1733335	1340506	2129454	1540409	1637418	1724784	1610125	1760413	1880384	1639843	1887419	2224464	1879128	2155206	2251180	1830322	2972444	2760796	2887031
ATG63490.1/ATG63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	1.26E-02	1.66	666	11	10	0h	6h	2399110	1911608	2595702	1451003	1277266	1603109	1477582	1033320	1974721	1556968	1093511	1511355	1605509	1669574	1536898	2122347	2053296	2005317	1824866	1810775	1601635
ATG74100.1	SOT16, ATSOT16, CDI-7 , ATST5A - sulfotransferase 16	1.27E-02	2.31	127	3	2	24h	0h	41763	62329	77761	61450	79795	41026	102808	78802	62175	85402	80281	69244	97592	87748	91776	123297	66375	85544	144790	165304	109114
ATG54890.1	HSM13 - Uncharacterised protein family (UPF0160)	1.27E-02	1.40	879	15	15	2h	24h	4294945	3834402	3475928	2698735	4887340	4432057	3947500	4249823	3727979	3949205	3960618	3825054	4109225	4042100	4421754	3981689	3890883	3690195	6287260	3739307	3282712
ATG38190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.28E-02	1.76	161	6	6	10h	0h	264948	248618	140017	133973	400150	339543	430762	274140	328744	264004	245076	309569	331865	313490	347011	355468	396898	397870	309289	315823	317967
ATG53700.1	VAT1 - VALINE TOLERANT 1	1.29E-02	2.94	24	1	1	0h	10h	5534	7196	7573	10744	18538	21597	29121	10442	6877	10442	11805	15201	15227	14648	13223	12267	16861	6273	9766	9797	
ATG20120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	1.30E-02	2.11	119	2	2	6h	6h	98830	78985	132755	81924	68517	64113	81312	66189	68819	68344	35972	67911	96353	76834	90906	117554	125308	120866	119991	65528	88153
ATG54850.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.32E-02	2.01	26	1	1	4h	8h	9258	16668	13523	12059	7510	7809	10247	14540	17176	13864	10519	14954	8490	6235	6127	8688	11648	8460	8074	9189	9554
ATG58940.1/ATG53230.1/ATG03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.33E-02	1.65	1673	27	27	24h	24h	3020163	3415931	3508600	3358870	3639628	2744452	4127958	3410824	3236123	3226728	4079179	3330858	3698236	4015604	4518253	3933812	7015004	5802157	4312077	
ATG65220.1	Ribosomal L29 family protein	1.33E-02	1.84	290	3	2	6h	6h	324937	258847	359368	256979	181028	210547	264046	134835	191847	182554	162744	166252	252308	196349	189879	243407	315668	342873	303251	237234	222468
ATG21370.2/ATG21370.1	XK-1, XK1 - xylulose kinase-1	1.34E-02	1.50	95	2	2	0h	6h	52931	65757	70596	52984	60100	73168	49000	51138	61065	41878	43926	40541	40453	52416	55036	52971	58953	54901	49325	43568	51289
ATG62980.1/ATG62980.2	ELO-1, ELO, ATCAD7, CAD7 - elicitor-activated gene 3-1	1.34E-02	1.75	894	15	13	4h	0h	1007802	1166073	1038593	1229323	1346056	1238715	1460108	1306269	1658506	1336519	1159739	1226209	1387792	1340841	1424346	1171197	1234056	1237492	988465	1193179	1250645
ATG59440.1	Heat-shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.34E-02	1.74	2535	36	11	24h	24h	1075051	1284280	1253947	1098301	1170235	1011618	1533092	1503542	1090645	1397399	1374369	1207556	1352428	1350645	1490912	1616985	1789478	1283408	2356489	1934788	1428918
ATG36160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	1.34E-02	2.90	136	3	2	10h	6h	19103	16351	22570	6126	25000	21436	21914	37172	19131	29082	7054	11961	12720	29198	17652	31452	37795	19317	34849	11961	12888	20288
ATG58060.1	PSB27 - photosystem II family protein	1.35E-02	1.76	326	4	4	0h	6h	1846629	2244476	1977361	1695456	1417126	1715556	1712372	1274431	1887877	1426517	1433828	1208278	1365582	1380596	1343826	1288648	1414780	1496693	1708006	1291483	1393553
ATG60320.1	catalytics	1.38E-02	1.54	144	3	3	6h	6h	56722	52790	54129	38530	36458	39152	43771	49024	33554	44216	36883	40340	34323	30369	41761	46692	49884	39909	47366	38426	40933
ATG09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.38E-02	1.49	398	6	6	0h	6h	1192659	1239803	1235990	1047333	1265007	1096390	1139895	1116125	1201210	1261892	1191329	991884	1057606	898326	1043681	832942	1216321	884620	1135725	1004328	1010782
ATG19835.1	Plant protein of unknown function (DUF809)	1.41E-02	3.14	21	1	1	6h	6h	56831	51771	91704	58315	15768	73399	108217	11597	31496	19179	86367	25861	33168	33816	24458	82533	78886	50414	52268	34514	52916
ATG60850.1	ubiquitin-associated (UBA)/TS-N domain-containing protein	1.42E-02	23.29	78	1	1	24h	0h	9481	10923	5269	27874	31269	4467	19867	20724	424	0	2731	0	19940	1220	24700	0	0	0	3555	12254	11326	24150
ATG24400.1	30S ribosomal protein, putative	1.42E-02	1.73	589	8	8	4h	6h	4175635	4252828	4670766	3176360	3228804	4844001	4624161	3743102	5495097	4220802	2704437	3475358	3566725	3402774	3906583	2969713	3173863	4302104	2903816	3810660	3588610
ATG48350.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	1.43E-02	1.59	372	4	3	10h	6h	801176	704940	863031	721229	484634	620497	590226	434311	685441	420264	487160	598592	520485	480526	607847	696258	851526	841979	680286	573042	681754
ATG31190.1	IMPL1 - myo-inositol monophosphatase like 1	1.45E-02	1.31	417	6	6	4h	24h	523458	490450	449399	570879	537903	528520	713069	521040	594141	472158	466053	501147	502866	516867	537704	498980	486226	457891	443298	459097	504600
ATG13270.1/ATG13270.2	MAP1C - methionine aminopeptidase 1B	1.46E-02	1.49	225	4	4	6h	6h	788139	680161	666154	534156	776570	749167	972779	728563	826760	624810	625491	616554	793398	670552	478744	505842	579341	619116	566939	660925	685889	767732
ATG15950.1/ATG15950.2	CCR1, IRX4, ATCCR1 - cinnamoyl-coa reductase 1	1.46E-02	1.79	221	3	3	8h	0h	109976	158951	119014	142837	145882	149541	188968	179078	158426	204299	164313	269380	192582	266737	203101	208124	176740	143295	155443	177312	127193
ATG29340.1	CRB, CSP41B, HCF1.3 - chloroplast RNA binding	1.49E-02	1.41	1891	26	25	2h	24h	25642665	27957869	26548063	28275645	31874932	31331816	31252819	24788585	34014619	25455441	18994263	26310338	27513269	28020381	28073541	26191045	29289299	30721380	19009149	21205940	24529287
ATG58400.1	Ribulose-phosphate 3-epimerase-like (small chain) family protein	1.52E-02	1.57	1219	16	16	24h	24h	4768535	5019975	5006463	3831285	3744335	3964206	4299078	3842006	5479196	4384939	3810056	4225722	4293613	3926704	3747626	3850373	3689454	4394296	3813824	3108520	3286050
ATG49360.1	BIG1, ATBIG1 - beta-xylosidase 1	1.58E-02	2.01	978	15	14	10h	24h	2214446	1724220	1914503	1727213	963557	948223	1138000	859268	1134669	1076347	995618	792741	912214	740658	816341	1121343	663529	1016238	863137	792747	912022	1162800
ATG47800.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	1.60E-02	Infinity	47	1	1	24h	4h	5277	7627	1365	317	1326	1104	0	0	802	749	26	0	2238	1773	0	4431	499	17977	7072	1830	
ATG35160.1	GRF4, 14-3-3-4 - 14-3-3 protein phi-chain	1.61E-02	2.08	1008	16	5	6h	6h	181960	284706	248618	181433	222229	240231	314415	224263	311445	363576	191601	183089	257269	274171	259001	153800	295475	152519	310990	160922	191395
ATG50780.1	RPL4 - ribosomal protein L14	1.63E-02	1.74	645	6	6	0h	6h	1423911	1038116	1476743	1128507	857281	896988	1009965	1055837	820651	1086818	828120	700757	715710	1049553	886952	883708	1075342	1210292	1452454	1173495	967855	1096100
ATG21340.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein 41 41 kDa	1.63E-02	1.29	1392	22	22	4h	24h	1163935	12444349	10838621	11497322	12682976	11585634	12257272	11924576	13197100	11619224	10927073	12749014	13927077	12244916	11077883	10266421	10949715	11592760	11569169	11576401	11624498	12607778
ATG25490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.64E-02	2.06	339	5	5	2h	6h	204782	339921	317911	322195	339838	321202	297605	279466

ATG6G64920.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	2.68E-02	4.12	32	1	1	24h	10h	40653	17762	12135	18390	15663	19324	5573	24256	3169	15297	23872	27742	12615	16447	21648	4288	8128	7647	20685	31787	30224
ATG6G39050.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	2.73E-02	3.74	163	3	3	24h	0h	17915	17289	20704	29299	17968	11860	36047	23136	19582	28372	27859	9171	22837	23292	23082	34057	38593	27816	121559	36547	50773
ATG6G27401.1	Hsp2 - stress-inducible protein, putative	2.74E-02	1.48	350	7	7	24h	0h	222351	191702	245937	217828	135686	224610	244133	226868	227910	216354	240744	173117	216593	227717	251526	222509	250789	216494	363087	323977	247461
ATG6G39350.1;ATG6G39350.2;ATG6G02150.1	Fe-S/Fe-S	2.80E-02	1.45	90	2	2	24h	0h	30643	39788	31819	30277	34923	46376	47827	44621	51521	39789	41281	42242	56452	42612	47817	45998	38263	49056	26292	35271	39791
ATG6G03890.1	RmlC-like cupins superfamily protein	2.80E-02	4.20	25	1	1	4h	0h	210767	170772	36876	433629	317524	419437	456204	600424	699582	405137	292412	293609	664010	304477	468432	674864	205208	299819	245516	610112	494275
ATG6G29630.1	PF, THIC - thiamine	2.86E-02	3.41	485	9	9	24h	0h	71889	61686	346697	339231	328181	423107	289929	235276	244271	320244	221022	247618	185467	259156	189279	246972	157326	172026	54965	96672	160363
ATG6G38450.1;ATG6G38450.2	CRT3, FKL1, EBS2, AtCRT3 - calreticulin 3	2.87E-02	1.65	147	3	3	24h	2h	162178	220514	218205	150727	156454	198500	127992	236640	157495	191396	168524	153164	177441	196129	183298	172278	183144	161514	226030	318444	291764
ATG6G38980.1;ATG6G14280.1	ARM-repeat superfamily protein	2.89E-02	2.22	26	1	1	6h	4h	1820	3719	2834	2466	1750	1879	1900	1979	1716	4519	4948	2967	1812	2697	1991	2545	3568	2971	4278	1707	2352
ATG6G13120.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	2.91E-02	1.73	105	3	3	10h	6h	376427	301432	462894	335686	242240	273457	365730	202929	295773	246996	190815	279160	295918	237683	288126	382092	391668	466435	319554	253867	259408
ATG6G72610.1	GLP1, ATGLP1, GOLP1 - germin-like protein 1	2.95E-02	4.70	95	3	3	8h	6h	165021	74126	32770	76308	44208	83247	32953	20107	45968	36578	25962	26342	152657	157346	107413	56303	44600	76926	222950	43717	47894
ATG6G35300.1	SIG2 - chikarote kinase like 2	2.96E-02	2.58	60	1	1	8h	0h	8665	21710	10817	38705	34832	32812	43162	27295	31469	23216	23288	39099	30485	17685	29019	25811	31623	30866	50186	26533	23097
ATG6G44300.1;ATG6G09550.1	ATGDI1, AT-GDI1, GDI1 - guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1	2.96E-02	1.78	456	8	8	24h	2h	287797	257502	239498	163048	234829	162463	237279	247914	221186	216158	122321	223033	235500	306544	327125	230824	135126	235204	416126	284843	298252
ATG6G29650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	2.96E-02	1.89	485	9	9	6h	10h	1320347	1214720	1393965	1193562	992933	1170785	966602	1107598	952532	1241943	1459924	1400885	1004247	671222	1214439	750588	550944	872383	766081	1313835	1462351
ATG6G28210.1	ATS1 - DNA/RNA-binding 3-helix-N-like protein	2.97E-02	1.90	49	2	2	6h	0h	241368	148445	190494	205680	177122	184794	166433	176568	208891	168133	150710	108714	291686	190200	217663	150974	176999	153482	158365	169805	150809
ATG6G41460.1;ATG6G05520.1;ATG6G36600.1;ATG6G36600.2;ATG6G36600.3;ATG6G36600.4;ATG6G36600.5;ATG6G36600.6;ATG6G36600.7;ATG6G36600.8;ATG6G36600.9;ATG6G36600.10;ATG6G36600.11;ATG6G36600.12;ATG6G36600.13;ATG6G36600.14;ATG6G36600.15;ATG6G36600.16;ATG6G36600.17;ATG6G36600.18;ATG6G36600.19;ATG6G36600.20;ATG6G36600.21;ATG6G36600.22;ATG6G36600.23;ATG6G36600.24;ATG6G36600.25;ATG6G36600.26;ATG6G36600.27;ATG6G36600.28;ATG6G36600.29;ATG6G36600.30;ATG6G36600.31;ATG6G36600.32;ATG6G36600.33;ATG6G36600.34;ATG6G36600.35;ATG6G36600.36;ATG6G36600.37;ATG6G36600.38;ATG6G36600.39;ATG6G36600.40;ATG6G36600.41;ATG6G36600.42;ATG6G36600.43;ATG6G36600.44;ATG6G36600.45;ATG6G36600.46;ATG6G36600.47;ATG6G36600.48;ATG6G36600.49;ATG6G36600.50;ATG6G36600.51;ATG6G36600.52;ATG6G36600.53;ATG6G36600.54;ATG6G36600.55;ATG6G36600.56;ATG6G36600.57;ATG6G36600.58;ATG6G36600.59;ATG6G36600.60;ATG6G36600.61;ATG6G36600.62;ATG6G36600.63;ATG6G36600.64;ATG6G36600.65;ATG6G36600.66;ATG6G36600.67;ATG6G36600.68;ATG6G36600.69;ATG6G36600.70;ATG6G36600.71;ATG6G36600.72;ATG6G36600.73;ATG6G36600.74;ATG6G36600.75;ATG6G36600.76;ATG6G36600.77;ATG6G36600.78;ATG6G36600.79;ATG6G36600.80;ATG6G36600.81;ATG6G36600.82;ATG6G36600.83;ATG6G36600.84;ATG6G36600.85;ATG6G36600.86;ATG6G36600.87;ATG6G36600.88;ATG6G36600.89;ATG6G36600.90;ATG6G36600.91;ATG6G36600.92;ATG6G36600.93;ATG6G36600.94;ATG6G36600.95;ATG6G36600.96;ATG6G36600.97;ATG6G36600.98;ATG6G36600.99;ATG6G36600.100;ATG6G36600.101;ATG6G36600.102;ATG6G36600.103;ATG6G36600.104;ATG6G36600.105;ATG6G36600.106;ATG6G36600.107;ATG6G36600.108;ATG6G36600.109;ATG6G36600.110;ATG6G36600.111;ATG6G36600.112;ATG6G36600.113;ATG6G36600.114;ATG6G36600.115;ATG6G36600.116;ATG6G36600.117;ATG6G36600.118;ATG6G36600.119;ATG6G36600.120;ATG6G36600.121;ATG6G36600.122;ATG6G36600.123;ATG6G36600.124;ATG6G36600.125;ATG6G36600.126;ATG6G36600.127;ATG6G36600.128;ATG6G36600.129;ATG6G36600.130;ATG6G36600.131;ATG6G36600.132;ATG6G36600.133;ATG6G36600.134;ATG6G36600.135;ATG6G36600.136;ATG6G36600.137;ATG6G36600.138;ATG6G36600.139;ATG6G36600.140;ATG6G36600.141;ATG6G36600.142;ATG6G36600.143;ATG6G36600.144;ATG6G36600.145;ATG6G36600.146;ATG6G36600.147;ATG6G36600.148;ATG6G36600.149;ATG6G36600.150;ATG6G36600.151;ATG6G36600.152;ATG6G36600.153;ATG6G36600.154;ATG6G36600.155;ATG6G36600.156;ATG6G36600.157;ATG6G36600.158;ATG6G36600.159;ATG6G36600.160;ATG6G36600.161;ATG6G36600.162;ATG6G36600.163;ATG6G36600.164;ATG6G36600.165;ATG6G36600.166;ATG6G36600.167;ATG6G36600.168;ATG6G36600.169;ATG6G36600.170;ATG6G36600.171;ATG6G36600.172;ATG6G36600.173;ATG6G36600.174;ATG6G36600.175;ATG6G36600.176;ATG6G36600.177;ATG6G36600.178;ATG6G36600.179;ATG6G36600.180;ATG6G36600.181;ATG6G36600.182;ATG6G36600.183;ATG6G36600.184;ATG6G36600.185;ATG6G36600.186;ATG6G36600.187;ATG6G36600.188;ATG6G36600.189;ATG6G36600.190;ATG6G36600.191;ATG6G36600.192;ATG6G36600.193;ATG6G36600.194;ATG6G36600.195;ATG6G36600.196;ATG6G36600.197;ATG6G36600.198;ATG6G36600.199;ATG6G36600.200;ATG6G36600.201;ATG6G36600.202;ATG6G36600.203;ATG6G36600.204;ATG6G36600.205;ATG6G36600.206;ATG6G36600.207;ATG6G36600.208;ATG6G36600.209;ATG6G36600.210;ATG6G36600.211;ATG6G36600.212;ATG6G36600.213;ATG6G36600.214;ATG6G36600.215;ATG6G36600.216;ATG6G36600.217;ATG6G36600.218;ATG6G36600.219;ATG6G36600.220;ATG6G36600.221;ATG6G36600.222;ATG6G36600.223;ATG6G36600.224;ATG6G36600.225;ATG6G36600.226;ATG6G36600.227;ATG6G36600.228;ATG6G36600.229;ATG6G36600.230;ATG6G36600.231;ATG6G36600.232;ATG6G36600.233;ATG6G36600.234;ATG6G36600.235;ATG6G36600.236;ATG6G36600.237;ATG6G36600.238;ATG6G36600.239;ATG6G36600.240;ATG6G36600.241;ATG6G36600.242;ATG6G36600.243;ATG6G36600.244;ATG6G36600.245;ATG6G36600.246;ATG6G36600.247;ATG6G36600.248;ATG6G36600.249;ATG6G36600.250;ATG6G36600.251;ATG6G36600.252;ATG6G36600.253;ATG6G36600.254;ATG6G36600.255;ATG6G36600.256;ATG6G36600.257;ATG6G36600.258;ATG6G36600.259;ATG6G36600.260;ATG6G36600.261;ATG6G36600.262;ATG6G36600.263;ATG6G36600.264;ATG6G36600.265;ATG6G36600.266;ATG6G36600.267;ATG6G36600.268;ATG6G36600.269;ATG6G36600.270;ATG6G36600.271;ATG6G36600.272;ATG6G36600.273;ATG6G36600.274;ATG6G36600.275;ATG6G36600.276;ATG6G36600.277;ATG6G36600.278;ATG6G36600.279;ATG6G36600.280;ATG6G36600.281;ATG6G36600.282;ATG6G36600.283;ATG6G36600.284;ATG6G36600.285;ATG6G36600.286;ATG6G36600.287;ATG6G36600.288;ATG6G36600.289;ATG6G36600.290;ATG6G36600.291;ATG6G36600.292;ATG6G36600.293;ATG6G36600.294;ATG6G36600.295;ATG6G36600.296;ATG6G36600.297;ATG6G36600.298;ATG6G36600.299;ATG6G36600.300;ATG6G36600.301;ATG6G36600.302;ATG6G36600.303;ATG6G36600.304;ATG6G36600.305;ATG6G36600.306;ATG6G36600.307;ATG6G36600.308;ATG6G36600.309;ATG6G36600.310;ATG6G36600.311;ATG6G36600.312;ATG6G36600.313;ATG6G36600.314;ATG6G36600.315;ATG6G36600.316;ATG6G36600.317;ATG6G36600.318;ATG6G36600.319;ATG6G36600.320;ATG6G36600.321;ATG6G36600.322;ATG6G36600.323;ATG6G36600.324;ATG6G36600.325;ATG6G36600.326;ATG6G36600.327;ATG6G36600.328;ATG6G36600.329;ATG6G36600.330;ATG6G36600.331;ATG6G36600.332;ATG6G36600.333;ATG6G36600.334;ATG6G36600.335;ATG6G36600.336;ATG6G36600.337;ATG6G36600.338;ATG6G36600.339;ATG6G36600.340;ATG6G36600.341;ATG6G36600.342;ATG6G36600.343;ATG6G36600.344;ATG6G36600.345;ATG6G36600.346;ATG6G36600.347;ATG6G36600.348;ATG6G36600.349;ATG6G36600.350;ATG6G36600.351;ATG6G36600.352;ATG6G36600.353;ATG6G36600.354;ATG6G36600.355;ATG6G36600.356;ATG6G36600.357;ATG6G36600.358;ATG6G36600.359;ATG6G36600.360;ATG6G36600.361;ATG6G36600.362;ATG6G36600.363;ATG6G36600.364;ATG6G36600.365;ATG6G36600.366;ATG6G36600.367;ATG6G36600.368;ATG6G36600.369;ATG6G36600.370;ATG6G36600.371;ATG6G36600.372;ATG6G36600.373;ATG6G36600.374;ATG6G36600.375;ATG6G36600.376;ATG6G36600.377;ATG6G36600.378;ATG6G36600.379;ATG6G36600.380;ATG6G36600.381;ATG6G36600.382;ATG6G36600.383;ATG6G36600.384;ATG6G36600.385;ATG6G36600.386;ATG6G36600.387;ATG6G36600.388;ATG6G36600.389;ATG6G36600.390;ATG6G36600.391;ATG6G36600.392;ATG6G36600.393;ATG6G36600.394;ATG6G36600.395;ATG6G36600.396;ATG6G36600.397;ATG6G36600.398;ATG6G36600.399;ATG6G36600.400;ATG6G36600.401;ATG6G36600.402;ATG6G36600.403;ATG6G36600.404;ATG6G36600.405;ATG6G36600.406;ATG6G36600.407;ATG6G36600.408;ATG6G36600.409;ATG6G36600.410;ATG6G36600.411;ATG6G36600.412;ATG6G36600.413;ATG6G36600.414;ATG6G36600.415;ATG6G36600.416;ATG6G36600.417;ATG6G36600.418;ATG6G36600.419;ATG6G36600.420;ATG6G36600.421;ATG6G36600.422;ATG6G36600.423;ATG6G36600.424;ATG6G36600.425;ATG6G36600.426;ATG6G36600.427;ATG6G36600.428;ATG6G36600.429;ATG6G36600.430;ATG6G36600.431;ATG6G36600.432;ATG6G36600.433;ATG6G36600.434;ATG6G36600.435;ATG6G36600.436;ATG6G36600.437;ATG6G36600.438;ATG6G36600.439;ATG6G36600.440;ATG6G36600.441;ATG6G36600.442;ATG6G36600.443;ATG6G36600.444;ATG6G36600.445;ATG6G36600.446;ATG6G36600.447;ATG6G36600.448;ATG6G36600.449;ATG6G36600.450;ATG6G36600.451;ATG6G36600.452;ATG6G36600.453;ATG6G36600.454;ATG6G36600.455;ATG6G36600.456;ATG6G36600.457;ATG6G36600.458;ATG6G36600.459;ATG6G36600.460;ATG6G36600.461;ATG6G36600.462;ATG6G36600.463;ATG6G36600.464;ATG6G36600.465;ATG6G36600.466;ATG6G36600.467;ATG6G36600.468;ATG6G36600.469;ATG6G36600.470;ATG6G36600.471;ATG6G36600.472;ATG6G36600.473;ATG6G36600.474;ATG6G36600.475;ATG6G36600.476;ATG6G36600.477;ATG6G36600.478;ATG6G36600.479;ATG6G36600.480;ATG6G36600.481;ATG6G36600.482;ATG6G36600.483;ATG6G36600.484;ATG6G36600.485;ATG6G36600.486;ATG6G36600.487;ATG6G36600.488;ATG6G36600.489;ATG6G36600.490;ATG6G36600.491;ATG6G36600.492;ATG6G36600.493;ATG6G36600.494;ATG6G36600.495;ATG6G36600.496;ATG6G36600.497;ATG6G36600.498;ATG6G36600.499;ATG6G36600.500;ATG6G36600.501;ATG6G36600.502;ATG6G36600.503;ATG6G36600.504;ATG6G36600.505;ATG6G36600.506;ATG6G36600.507;ATG6G36600.508;ATG6G36600.509;ATG6G36600.510;ATG6G36600.511;ATG6G36600.512;ATG6G36600.513;ATG6G36600.514;ATG6G36600.515;ATG6G36600.516;ATG6G36600.517;ATG6G36600.518;ATG6G36600.519;ATG6G36600.520;ATG6G36600.521;ATG6G36600.522;ATG6G36600.523;ATG6G36600.524;ATG6G36600.525;ATG6G36600.526;ATG6G36600.527;ATG6G36600.528;ATG6G36600.529;ATG6G36600.530;ATG6G36600.531;ATG6G36600.532;ATG6G36600.533;ATG6G36600.534;ATG6G36600.535;ATG6G36600.536;ATG6G36600.537;ATG6G36600.538;ATG6G36600.539;ATG6G36600.540;ATG6G36600.541;ATG6G36600.542;ATG6G36600.543;ATG6G36600.544;ATG6G36600.545;ATG6G36600.546;ATG6G36600.547;ATG6G36600.548;ATG6G36600.549;ATG6G36600.550;ATG6G36600.551;ATG6G36600.552;ATG6G36600.553;ATG6G36600.554;ATG6G36600.555;ATG6G36600.556;ATG6G36600.557;ATG6G36600.558;ATG6G36600.559;ATG6G36600.560;ATG6G36600.561;ATG6G36600.562;ATG6G36600.563;ATG6G36600.564;ATG6G36600.565;ATG6G36600.566;ATG6G36600.567;ATG6G36600.568;ATG6G36600.569;ATG6G36600.570;ATG6G36600.571;ATG6G36600.572;ATG6G36600.573;ATG6G36600.574;ATG6G36600.575;ATG6G36600.576;ATG6G36600.577;ATG6G36600.578;ATG6G36600.579;ATG6G36600.580;ATG6G36600.581;ATG6G36600.582;ATG6G36600.583;ATG6G36600.584;ATG6G36600.585;ATG6G36600.586;ATG6G36600.587;ATG6G36600.588;ATG6G36600.589;ATG6G36600.590;ATG6G36600.591;ATG6G36600.592;ATG6G36600.593;ATG6G36600.594;ATG6G36600.595;ATG6G36600.596;ATG6G36600.597;ATG6G36600.598;ATG6G36600.599;ATG6G36600.600;ATG6G36600.601;ATG6G36600.602;ATG6G36600.603;ATG6G36600.604;ATG6G36600.605;ATG6G36600.606;ATG6G36600.607;ATG6G36600.608;ATG6G36600.609;ATG6G36600.610;ATG6G36600.611;ATG6G36600.612;ATG6G36600.613;ATG6G36600.614;ATG6G36600.615;ATG6G36600.616;ATG6G36600.617;ATG6G36600.618;ATG6G36600.619;ATG6G36600.620;ATG6G36600.621;ATG6G36600.622;ATG6G36600.623;ATG6G36600.624;ATG6G36600.625;ATG6G36600.626;ATG6G36600.627;ATG6G36600.628;ATG6G36600.629;ATG6G36600.630;ATG6G36600.631;ATG6G36600.632;ATG6G36600.633;ATG6G36600.634;ATG6G36600.635;ATG6G36600.636;ATG6G36600.637;ATG6G36600.638;ATG6G36600.639;ATG6G36600.640;ATG6G36600.641;ATG6G36600.642;ATG6G36600.643;ATG6G36600.644;ATG6G36600.645;ATG6G36600.646;ATG6G36600.647;ATG6G36600.648;ATG6G36600.649;ATG6G36600.650;ATG6G36600.651;ATG6G36600.652;ATG6G36600.653;ATG6G36600.654;ATG6G36600.655;ATG6G36600.656;ATG6G36600.657;ATG6G36600.658;ATG6G36600.659;ATG6G36600.660;ATG6G36600.661;ATG6G36600.662;ATG6G36600.663;ATG6G36600.664;ATG6G36600.665;ATG6G36600.666;ATG6G36600.667;ATG6G36600.668;ATG6G36600.669;ATG6G36600.670;ATG6G36600.671;ATG6G36600.672;ATG6G36600.673;ATG6G36600.674;ATG6G36600.675;ATG6G36600.676;ATG6G36600.677;ATG6G36600.678;ATG6G36600.679;ATG6G36600.680;ATG6G36600.681;ATG6G36600.682;ATG6G36600.683;ATG6G36600.684;ATG6G36600.685;ATG6G36600.686;ATG6G36600.687;ATG6G36600.688;ATG6G36600.689;ATG6G36600.690;ATG6G36600.691;ATG6G36600.692;ATG6G36600.693;ATG6G36600.694;ATG6G36600.695;ATG6G36600.696;ATG6G36600.697;ATG6G36600.698;ATG6G36600.699;ATG6G36600.700;ATG6G36600.701;ATG6G36600.702;ATG6G36600.703;ATG6G36600.704;ATG6G36600.705;ATG6G36600.706;ATG6G36600.707;ATG6G36600.708;ATG6G36600.709;ATG6G36600.710;ATG6G36600.711;ATG6G36600.712;ATG6G36600.713;ATG6G36600.714;ATG6G36600.715;ATG6G36600.716;ATG6G36600.717;ATG6G36600.718;ATG6G36600.719;ATG6G36600.720;ATG6G36600.721;ATG6G36600.722;ATG6G36600.723;ATG6G36600.724;ATG6G36600.725;ATG6G36600.726;ATG6G36600.727;ATG6G36600.728;ATG6G36600.729;ATG6G36600.730;ATG6G36600.731;ATG6G36600.732;ATG6G36600.733;ATG6G36600.734;ATG6G36600.735;ATG6G36600.736;ATG6G36600.737;ATG6G36600.738;ATG6G36600.739;ATG6G36600.740;ATG6G36600.741;ATG6G36600.742;ATG6G36600.743;ATG6G36600.744;ATG6G36600.745;ATG6G36600.746;ATG6G36600.747;ATG6G36600.748;ATG6G36600.749;ATG6G36600.750;ATG6G36600.751;ATG6G36600.752;ATG6G36600.753;ATG6G36600.754;ATG6G36600.755;ATG6G36600.756;ATG6G36600.757;ATG6G36600.758;ATG6G36600.759;ATG6G36600.760;ATG6G36600.761;ATG6G36600.762;ATG6G36600.763;ATG6G36600.764;ATG6G36600.765;ATG6G36600.766;ATG6G36600.767;ATG6G36600.768;ATG6G36600.769;ATG6G36600.770;ATG6G36600.771;ATG6G36600.772;ATG6G36600.773;ATG6G36600.774;ATG6G36600.775;ATG6G36600.776;ATG6G36600.777;ATG6G36600.778;ATG6G36600.779;ATG6G36600.780;ATG6G36600.781;ATG6G36600.782;ATG6G36600.783;ATG6G36600.784;ATG6G36600.785;ATG6G36600.786;ATG6G36600.787;ATG6G36600.788;ATG6G36600.789;ATG6G36600.790;ATG6G36600.791;ATG6G36600.792;ATG6G36600.793;ATG6G36600.794;ATG6G36600.795;ATG6G36600.796;ATG6G36600.797;ATG6G36600.798;ATG6G36600.799;ATG6G36600.800;ATG6G36600.801;ATG6G36600.802;ATG6G36600.803;ATG6G36600.804;ATG6G36600.805;ATG6G36600.806;ATG6G36600.807;ATG6G36600.808;ATG6G36600.809;ATG6G36600.810;ATG6G36600.811;ATG6G36600.812;ATG6G36600.813;ATG6G36600.814;ATG6G36600.815;ATG6G36600.816;ATG6G36600.817;ATG6G36600.818;ATG6G36600.819;ATG6G36600.820;ATG6G36600.821;ATG6G36600.822;ATG6G36600.823;ATG6G36600.824;ATG6G36600.825;ATG6G36600.826;ATG6G36600.827;ATG6G36600.828;ATG6G36600.829;ATG6G36600.830;ATG6G36600.831;ATG6G36600.832;ATG6G36600.833;ATG6G36600.834;ATG6G36600.835;ATG6G36600.836;ATG6G36600.837;ATG6G36600.838;ATG6G36600.839;ATG6G36600.840;ATG6G36600.841;ATG6G36600.842;ATG6G36600.843;ATG6G36600.844;ATG6G36600.845;ATG6G36600.846;ATG6G36600.847;ATG6G36600.848;ATG6G36600.849;ATG6G36600.850;ATG6G36600.851;ATG6G36600.852;ATG6G36600.853;ATG6G36600.854;ATG6G36600.855;ATG6G36600.856;ATG6G36600.857;ATG6G36600.858;ATG6G36600.859;ATG6G36600.860;ATG6G36600.861;ATG6G36600.862;ATG6G36600.863;ATG6G36600.864;ATG6G36600.865;ATG6G36600.866;ATG6G36600.867;ATG6G36600.868;ATG6G36600.869;ATG6G36600.870;ATG6G36600.871;ATG6G36600.872;ATG6G36600.873;ATG6G36600.874;ATG6G36600.875;ATG6G36600.876;ATG6G36600.877;ATG6G36600.878;ATG6G36600.879;ATG6G36600.880;ATG6G36600.881;ATG6G36600.882;ATG6G36600.883;ATG6G36600.884;ATG6G36600.885;ATG6G36600.886;ATG6G36600.887;ATG6G36600.888;ATG6G36600.889;ATG6G36600.890;ATG6G36600.891;ATG6G36600.892;ATG6G36600.893;ATG6G36600.894;ATG6G36600.895;ATG6G36600.896;ATG6G36600.897;ATG6G36600.898;ATG6G36600.899;ATG6G36600.900;ATG6G36600.901;ATG6G36600.902;ATG6G36600.903;ATG6G36600.904;ATG6G36600.905;ATG6G36600.906;ATG6G36600.907;ATG6G36600.908;ATG6G36600.909;ATG6G36600.910;ATG6G36600.911;ATG6G36600.912;ATG6G36600.913;ATG6G36600.914;ATG6G36600.915;ATG6G36600.916;ATG6G36600.917;ATG6G36600.918;ATG6G36600.919;ATG6G36600.920;ATG6G36600.921;ATG6G36600.922;ATG6G36600.923;ATG6G36600.924;ATG6G36600.925;ATG6G36600.926;ATG6G36600.927;ATG6G36600.928;ATG6G36600.929;ATG6G36600.930;ATG6G36600.931;ATG6G36600.932;ATG6G36600.933;ATG6G36600.934;ATG6G36600.935;ATG6G36600.936;ATG6G36600.937;ATG6G36600.938;ATG6G36600.939;ATG6G36600.940;ATG6G36600.941;ATG6G36600.942;ATG6G36600.943;ATG6G36600.944;ATG6G36600.945;ATG6G36600.946;ATG6G36600.947;ATG6G36600.948;ATG6G36600.949;ATG6G36600.950;ATG6G36600.951;ATG6G36600.952;ATG6G36600.953;ATG6G36600.954;ATG6G36600.955;ATG6G36600.956;ATG6G36600.957;ATG6G36600.958;ATG6G36600.959;ATG6G36600.960;ATG6G36600.961;ATG6G36600.962;ATG6G36600.963;ATG6G36600.964;ATG6G36600.965;ATG6G36600.966;ATG6G36600.967;ATG6G36600.968;ATG6G36600.969;ATG6G36600.970;ATG6G36600.971;ATG6G36600.972;ATG6G36600.973;ATG6G36600.974;ATG6G36600.975;ATG6G36600.976;ATG6G36600.977;ATG6G36600.978;ATG6G36600.979;ATG6G36600.980;ATG6G36600.981;ATG6G36600.982;ATG6G36600.983;ATG6G36600.984;ATG6G36600.985;ATG6G36600.986;ATG6G36600.987;ATG6G36600.988;ATG6G36600.989;ATG6G36600.990;ATG6G36600.991;ATG6G36600.992;ATG6G36600.993;ATG6G36600.994;ATG6G36600.995;ATG6G36600.996;ATG6G36600.997;ATG6G36600.998;ATG6G36600.999;ATG6G36600.1000;ATG6G36600.1001;ATG6G36600.1002;ATG6G36600.1003;ATG6G36600.1004;ATG6G36600.1005;ATG6G36600.1006;ATG6G36600.1007;ATG6G36600.1008;ATG6G36600.1009;ATG6G36600.1010;ATG6G36600.1011;ATG6G36600.1012;ATG6G36600.1013;ATG6G36600.1014;ATG6G36600.1015;ATG6G36600.1016;ATG6G36600.1017;ATG6G36600.1018;ATG6G36600.1019;ATG6G36600.1020;ATG6G36600.1021;ATG6G36600.1022;ATG6G36600.1023;ATG6G36600.1024;ATG6G36600.1025;ATG6G36600.1026;ATG6G36600.1027;ATG6G36600.1028;ATG6G36600.1029;ATG6G36600.1030;ATG6G36600.1031;ATG6G36600.1032;ATG6G36600.1033;ATG6G36600.1034;ATG6G36600.1035;ATG6G36600.1036;ATG6G36600.1037;ATG6G36600.1038;ATG6G36600.1039;ATG6G36600.1040;ATG6G36600.1041;ATG6G36600.1042;ATG6G36600.1043;ATG6G36600.1044;ATG6G36600.1045;ATG6G36600.1046;ATG6G36600.1047;ATG6G36600.1048;ATG6G36600.1049;ATG6G36600.1050;ATG6G36600.1051;ATG6G36600.1052;ATG6G36600.1053;ATG6G36600.1054;ATG6G36600.1055;ATG6G36600.1056;ATG6G36600.1057;ATG6G36600.1058;ATG6G36600.1059;ATG6G36600.1060;ATG6G36600.1061;ATG6G36600.1062;ATG6G36600.1063;ATG6G36600.1064;ATG6G36600.1065;ATG6G36600.1066;ATG6G36600.1067;ATG6G36600.1068;ATG6G36600.1069;ATG6G36600.1070;ATG6G36600.1071;ATG6G36600.1072;ATG6G36600.1073;ATG6G36600.1074;ATG6G36600.1075;ATG6G36600.1076;ATG6G36600.1077;ATG6G36600.1078;ATG6G36600.1079;ATG6G36600.1080;ATG6G36600.1081;ATG6G36600.1082;ATG6G36600.1083;ATG6G36600.1084;ATG6G36600.1085;ATG6G36600.1086;ATG6G36600.1087;ATG6G36600.1088;ATG6G36600.1089;ATG6G36600.1090;ATG6G36600.1091;ATG6G36600.1092;ATG6G36600.1093;ATG6G36600.1094;ATG6G36600.1095;ATG6G36600.1096;ATG6G36600.1097;ATG6G36600.1098;ATG6G36600.1099;ATG6G36600.1100;ATG6G36600.1101;ATG6G36600.1102;ATG6G36600.1103;ATG6G36600.1104;ATG6G36600.1105;ATG6G36600.1106;ATG6G36600.1107;ATG6G36600.1108;ATG6G36600.1109;ATG6G36600.1110;ATG6G36600.1111;ATG6G36600.1112;ATG6G36600.1113;ATG6G36600.1114;ATG6G36600.1115;ATG6G36600.1116;ATG6G36600.1117;ATG6G36600.1118;ATG6G36600.1119;ATG6G36600.1120;ATG6G36600.1121;ATG6G36600.1122;ATG6G36600.1123;ATG6G36600.1124;ATG6G36600.1125;ATG6G36600.1126;ATG6G36600.1127;ATG6G36600.1128;ATG6G36600.1129;ATG6G36600.1130;ATG6G36600.1131;ATG6G36600.1132;ATG6G36600.1133;ATG6G36600.1134;ATG6G36600.1135;ATG6G36600.1136;ATG6G36600.1137;ATG6G36600.1138;ATG6G36600.1139;ATG6G36600.1140;ATG6G36600.1141;ATG6G36600.1142;ATG6G36600.1143;ATG6G36600.1144;ATG6G36600.1145;ATG6G36600.1146;ATG6G36600.1147;ATG6G36600.1148;ATG6G36600.1149;ATG6G36600.1150;ATG6G36600.1151;ATG6G36600.1152;ATG6G36600.1153;ATG6G36600.1154;ATG6G36600.1155;ATG6G36600.1156;ATG6G36600.1157;ATG6G36600.1158;ATG6G36600.1159;ATG6G36600.1160;ATG6G36600.1161;ATG6G36600.1162;ATG6G36600.1163;ATG6G36600.1164;ATG6G36600.1165;ATG6G36600.1166;ATG6G36600.1167;ATG6G36600.1168;ATG6G36600.1169;ATG6G36600.1170;ATG6G36600.1171;ATG6G36600.1172;ATG6G36600.1173;ATG6G36600.1174;ATG6G36600.1175;ATG6G36600.1176;ATG6G36600.1177;ATG6G36600.1178;ATG6G36600.1179;ATG6G36600.1180;ATG6G36600.1181;ATG6G36600.1182;ATG6G36600.1183;ATG6G36600.1184;ATG6G36600.1185;ATG6G36600.1186;ATG6G36600.1187;ATG6G36600.1188;ATG6G36600.1189;ATG6G36600.1190;ATG6G36600.1191;ATG6G36600.1192;ATG6G36600.1193;ATG6G36600.1194;ATG6G36600.1195;ATG6G36600.1196;ATG6G36600.1197;ATG6G36600.1198;ATG6G36600.1199;ATG6G36600.1200;ATG6G36600.1201;ATG6G36600.1202;ATG6G36600.1203;ATG6G36600.1204;ATG6G36600.1205;ATG6G36600.1206;ATG6G36600.1207;ATG6G36600.1208;ATG6G36600.1209;ATG6G36600.1210;ATG6G36600.1211;ATG6G36600.1212;ATG6G36600.1213;ATG6G36600.1214;ATG6G36600.1215;ATG6G36600.1216;ATG6G36600.1217;ATG6G36600.1218;ATG6G36600.1219;ATG6G36600.1220;ATG6G36600.1221;ATG6G36600.1222;ATG6G36600.1223;ATG6G36600.1224;ATG6G36600.1225;ATG6G36600.1226;ATG6G36600.1227;ATG6G36600.1228;ATG6G36600.1229;ATG6G36600.1230;ATG6G36600.1231;ATG6G36600.1232;ATG6G36600.1233;ATG6G36600.1234;ATG6G36600.1235;ATG6G36600.1236;ATG6G36600.1237;ATG6G36600.1238;ATG6G36600.1239;ATG6G36600.1240;ATG6G36600.1241;ATG6G36600.1242;ATG6G36600.1243;ATG6G36600.1244;ATG6G36600.1245;ATG6G36600.1246;ATG6G36600.1247;ATG6G36600.1248;ATG6G36600.1249;ATG6G36600.1250;ATG6G36600.1251;ATG6G36600.1252;ATG6G36600.1253;ATG6G36600.1254;ATG6G36600.1255;ATG6G36600.1256;ATG6G36600.1257;ATG6G36600.1258;ATG6G36600.1259;ATG6G36600.1260;ATG6G36600.1261;ATG6G36600.1262;ATG6G36600.1263;ATG6G36600.1264;ATG6G36600.1265;ATG6G36600.1266;ATG6G36600.1267;ATG6G36600.1268;ATG6G36600.1269;ATG6G36600.1270;ATG6G36600.1271;ATG6G36600.1272;ATG6G36600.1273;ATG6G36600.1274;ATG6G36600.1275;ATG6G36600.1276;ATG6G36600.1277;ATG6G36600.1278;ATG6G36600.1279;ATG6G36600.1280;ATG6G36600.1281;ATG6G36600.1282;ATG6G36600.1283;ATG6G36600.1284;ATG6G36600.1285;ATG6G36600.1286;ATG6G36600.1287;ATG6G36600.1288;ATG6G36600.1289;ATG6G36600.1290;ATG6G36600.1291;ATG6G36600.1292;ATG6G36600.1293;ATG6G36600.1294;ATG6G36600.1295;ATG6G36600.1296;ATG6G36600.1297;ATG6G36600.1298;ATG6G36600.1299;ATG6G36600.1300;ATG6G36600.1301;ATG6G36600.1302;ATG6G36600.1303;ATG6G36600.1304;ATG6G36600.1305;

ATG42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	5.67E-02	1.92	163	4	4	4h	0h	0h	14740	19727	32225	35937	25423	27389	41295	28201	58570	38698	24619	35355	29135	26350	26298	36853	35232	39109	25759	17287	27013
ATG55610.1;ATG55610.2	PSCS2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	5.71E-02	2.36	337	7	3	10h	0h	0h	11673	27230	19273	47044	29031	37494	55096	18395	31567	28990	19552	27263	34701	30131	40634	50841	19109	47366	22799	15416	33009
ATG51920.1	CAM9, CML9, ATCML9 - calmodulin 9	5.77E-02	12.74	27	1	1	4h	0h	0h	352	0	0	1379	0	0	7361	1447	2715	2438	2339	1532	2932	0	4736	3137	1806	851	5938	2153	1637
ATG79690.1	ahnuB3, NUDT3 - nudix hydrolase homolog 3	5.80E-02	2.38	45	1	1	24h	0h	0h	17840	18192	14173	9839	10154	15143	3560	15063	3259	12265	17437	22286	13440	10250	13500	14581	9587	10637	12040	11771	7365
ATG34230.1	CAD5, ATCAD5, CAD-5 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 5	5.82E-02	2.19	306	6	3	24h	2h	0h	57663	141797	126917	105894	82865	73526	160979	108385	119841	111873	112460	124390	136319	146953	182145	142079	139669	104411	260836	131116	183072
ATG43420.1	SIS16 - small subunit ribosomal protein 16	5.87E-02	1.72	213	3	3	10h	0h	0h	1230455	950868	1212206	1091450	870564	857709	1108661	611338	973406	756636	607693	787181	832848	709138	883257	1099957	1197388	1098639	1128813	802601	964283
ATG09640.1;ATG09640.2	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	5.89E-02	1.25	1056	24	6	24h	4h	0h	983273	966531	915104	932666	1050499	1086479	896048	941695	953396	1103923	1025108	943855	1030148	1102421	917155	1062098	1103365	942836	1232244	1191897	1052097
ATG51606.1	CARA8-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	5.91E-02	3.89	70	1	1	24h	0h	0h	2382	3435	5623	8120	2926	3437	7531	5528	2776	8353	8421	2803	5617	5620	6475	2847	6108	8500	1748	1013	2273
ATG41430.1	transferases, transferring glycosyl groups	5.92E-02	1.60	65	2	2	0h	0h	0h	87302	79387	64181	43819	89913	65818	65327	75426	82215	74012	80518	65511	58480	71530	68642	68363	51515	44085	70279	69923	72104
ATG60490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	5.95E-02	1.28	214	3	3	24h	0h	0h	304888	397392	359234	361060	332113	303651	323798	322155	283589	297829	327730	298493	310014	272807	332157	277125	290663	284427	248263	294712	287809
ATG59370.1	unknown protein	5.97E-02	1.42	308	7	4	24h	0h	0h	85402	100831	77440	112772	82183	80945	105516	108321	116295	90660	81653	86685	100090	87534	110629	87788	83196	95571	92984	119800	96175
ATG12420.1	O-acyltransferase (WSD1-like) family protein	5.98E-02	2.38	29	1	1	4h	0h	0h	160050	147892	94083	84180	94915	131154	68624	65425	35120	129772	73562	112604	77086	95533	88097	61024	78485	71101	45707	125055	87251
ATG29160.1;ATG19830.1	SNF7.1 - SNF7 family protein	5.99E-02	2.33	170	3	3	24h	2h	0h	69792	125712	143936	76601	77828	53838	84817	123833	132955	114589	88943	91770	95156	79604	158339	119217	97387	77389	183265	177462	126585
ATG56600.1;ATG51930.1;ATG06600.3	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	6.00E-02	1.36	421	10	10	24h	0h	0h	576208	652811	514399	558602	631934	590799	641120	624502	602440	681228	593010	571111	543873	648082	642287	651825	687515	587657	860956	794813	679744
ATG23570.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.02E-02	1.46	300	6	6	24h	2h	0h	268621	349002	338018	270069	298848	305780	333012	280396	348659	323599	291261	352841	285808	355279	359920	313118	356676	354071	515252	365256	393320
ATG42790.1;ATG47250.1	PAF1, ATPSK30, ATSK3 - proteasome alpha subunit F1	6.03E-02	1.37	257	3	3	24h	4h	0h	1231800	1111755	1214774	904765	1106717	1126104	828814	992072	1018847	1104553	1054193	1024399	1042731	1240826	1117625	1140801	1070220	1058713	1534387	1264904	1096128
ATG20770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	6.05E-02	2.23	144	3	3	6h	0h	0h	155252	111454	137056	106949	63315	91674	216792	59109	131860	95401	95832	118047	101079	84685	182595	193857	139829	128019	95527	96910	
ATG22920.1	CSN5A, JAB1, AIH1 - COP9 signalosome 5A	6.10E-02	33.12	33	1	1	8h	0h	0h	1624	1141	5539	1148	0	0	8441	0	2697	3760	3781	7521	0	455	0	2014	3661	1567	6621	3933	387	
ATG50120.1	MTO1, CG3, ATCG13_C051 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	6.17E-02	1.63	219	5	4	2h	0h	0h	126961	84391	107733	83274	75239	251921	218692	252129	181500	176509	202295	192342	199134	196137	199813	215963	210452	174992	204041	176004	226697
ATG19880.1;ATG19880.2;ATG19880.3	Glutathione S-transferase family protein	6.24E-02	2.10	111	3	2	24h	0h	0h	30282	43044	26200	25473	29785	41252	36399	25062	31201	34084	24546	23847	31810	52148	28073	55851	67966	34097	82981	48098	42037
ATG19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	6.34E-02	1.75	595	11	6	24h	2h	0h	314665	315155	393257	261022	349305	334349	367674	301456	355142	395658	276692	392670	306419	449406	391728	445708	403608	316984	738916	484679	427680
ATG04680.1	ATMSRB3, MSRB3 - methionine sulfoxide reductase B3	6.37E-02	4.48	41	1	1	24h	0h	0h	1669	2155	3064	5612	1066	499	5040	2168	2193	3185	2438	1015	2628	3721	3551	3520	6328	4975	17216	7667	4881
ATG39150.1	ATNAA50, NAA50 - N-terminal acetyltransferase 50	6.50E-02	2.05	75	1	1	24h	0h	0h	17516	17426	5452	5452	10860	10711	13659	29126	18909	23666	17083	17437	27703	15581	12719	22045	17249	19596	20408	18062	23714	19635
ATG29050.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	6.51E-02	Infinity	26	1	1	6h	0h	0h	7155	6225	0	8604	11560	4497	2657	4163	0	0	0	0	5998	6083	7578	0	0	0	1134	0	2082	875
ATG26020.1;ATG20020.2;ATG20020.3	ATUFM1, PNKD - ferredoxin-NAD(P)+ oxidoreductase 2	6.53E-02	1.29	1733	27	23	24h	10h	0h	1975762	1582797	4671689	5592754	5959432	5897471	5634282	5044679	5845655	4984823	6475494	5772545	5351259	5630039	5829438	4894866	4987676	4682502	5878159	5972153	5810906
ATG48930.1	HCT - hydroxycinnamoyl-CoA shikimate/quinate hydroxycinnamoyltransferase	6.61E-02	2.91	30	1	1	8h	0h	0h	1557	23070	13344	2951	13318	16991	9777	23076	10295	29606	17960	17186	17994	9726	11472	11744					
ATG21720.1	HSK, OHM1 - homoserine kinase	6.65E-02	1.24	375	6	5	2h	0h	0h	334864	398644	298655	409878	385364	388419	365753	360970	451784	339279	422341	394364	321839	331874	298762	333156	396616	433513	328545	332619	308664
ATG50200.1	RPL32 - ribosomal protein L32	6.68E-02	1.70	21	1	1	6h	0h	0h	109905	105089	156393	105156	64497	65004	75075	44129	99818	110771	98309	107945	60038	83818	85896	110153	143913	108232	114421	74711	66865
ATG32810.1	BGAL9 - beta galactosidase 9	6.72E-02	1.73	32	1	1	6h	2h	0h	2762	4773	3707	3183	1304	2486	3608	3456	2789	3245	4256	4564	2317	2800	1969	2146	3478	2814	2623	1906	2631
ATG48990.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	6.74E-02	1.48	609	11	10	24h	0h	0h	1087359	963945	866649	889549	786850	828174	738824	861427	756741	981259	881034	842174	897238	965996	904499	950262	853880	764675	1542306	985177	952277
ATG21170.1;ATG21170.2	TIM_POTFH - triosephosphate isomerase	6.75E-02	1.18	1153	17	16	4h	0h	0h	10870628	11197908	10164737	11361087	12337777	10455001	12193892	11495343	11810397	10286338	11159329	11074851	10769956	10561994	11151695	10443930	11371181	11166432	10173785	9135702	10763122
ATG45240.1	MAP1A - methionine aminopeptidase 1A	6.80E-02	2.24	42	1	1	6h	0h	0h	28625	14150	16400	18030	32776	30877	17590	15409	20389	12794	30687	12909	20657	24103	15735	17220	12493	22129	23350	17674	16806
ATG20250.4;ATG20250.1	DIN10 - Raffinose synthase family protein	6.81E-02	2.83	131	3	3	6h	0h	0h	72709	12764	47822	44060	64207	46022	49161	28321	52244	31813	22222	26221	27915	24310	35901	23259	23172	36847	96709	63427	66760
ATG39970.1;ATG59970.1	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	6.81E-02	1.29	1552	29	22	10h	0h	0h	2893121	2482466	3267181	3437216	3625487	3623399	3558985	3227934	3902561	3393232	3325757	3559861	3384312	3734292	3579723	4308879	3898856	3488664	3455444	3712362	3091897
ATG59750.1	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	6.87E-02	3.28	52	1	1	4h	0h	0h	16828	15745	25694	19375	11542	15654	46602	13878	27432	21536	16794	15957	13718	9132	3993	14860	13397	27460	12788	20803	18422
ATG53710.1	AGD6 - ARF-GAP domain 6	6.88E-02	2.26	67	1	1	24h	0h	0h	2820	3209	4662	3026	3687	1494	2712	1416	2337	2533	1479	754	1433	2810	2566	3709	3407	3610	4753	4451	3941
ATG40600.1	apyr-1 o-processing enzyme family protein	6.92E-02	1.43	131	2	1	4h	0h	0h	340164	321955	281685	219334	348302	271565	228080	259780	254716	269515	218537	229076	228771	309643	244427	238910	265243	210306	344767	403547	274819
ATG31570.1	ATGPX2, GPX2 - glutathione peroxidase 2	6.93E-02	1.99	192	3	3	24h	8h	0h	150239	161053	142881	142881	60010	160006	123686	120167	126445	148688	160612	102616	145695	123376	82672	122007	156427	105833	175936	152939	209528	190186
ATG34250.1;ATG14230.1;ATG14240.1	GDA1/CD39 nucleoside phosphatase family protein	6.97E-02	2.59	371	5	5	8h	0h	0h	221070	186178	358757	286989	314830	330619	277158	246159	283511	382513	429325	480374	365206	558507	553304	272685	307861	464667	586718	252796	426998
ATG51580.1	RNA-binding KH domain-containing protein	6.98E-02	2.03	24	1	1	24h	0h	0h	51502	59464	62803	32043	50439	35343	53728	72770	39750	54445	50716	28935	62716	57452	38564	50798	70859	51942	99546	73632	65562
ATG01500.2;ATG01500.1;ATG01500.3	CA1 - carbonic anhydrase 1	7.00E-02	1.15	2118	27	13	2h	0h	0h	82207530	76372332	90072417	78175995	85799784	85467596	85493586	85945707	75294719	80588710	82597998	84729256	76986260	80541118	75442390	65800647	76485217	75047088	69359302	78555887	75186385
ATG31980.1	Ribosomal protein L4/L1 family protein	7.01E-02	1.41	522	9	8	0h	0h	0h	1916992	1743609	2743313	759263	1667645	1645085	1549892	1394158	1619350	1723368	1292339	1644202	1676885	1530708	1626055	1990200	2162906	2117875	1677615	1517503	1606598
ATG41830.1;ATG22010.1	SKS6 - SKU5-similar 6	7.05E-02	1.93	193	5	4	6h	0h	0h	30105	24937	15879	10837	11037	20171	12661	14469	11414	11901	13352	11528	10602	18944	19302	14003	10025	17954	30004	16674	20470
ATG23850.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	7.09E-02	2.11	217	4	1	2h	0h	0h	59358	66638	142890	111014	92739	152915	161807	74804	83879	75468	54520	39195	112039	108731	122073	97468	114991	110554	77351	96583	77016
ATG23460.1	XGD1, ATXGD1 - exo-beta-D-glucosidase 1	7.10E-02	1.76	52	2	2	6h	0h	0h	108587	120297	94120	72060	105662	73858	225546	107973	229077	175688	167661	159825	180109	198770	169517	262448	251925	181832	264106	167459	196990
ATG10860.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	7.13E-02	1.40	614	8	8	0h	2h	0h	1509206	1705350	1219704	923905	1099728	1135498	1443525	1130332	1321981	1247925	950971	1114262	1080339	1259049	1199042	1212581	1212603	822412	1437661	1692156	1206279
ATG12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	7.26E-02	1.27	1347	26	20	4h	0h	0h	80201195	80393436	72323019	73715760	82205241	80740182	92754053	73312211	83691827	68627234	74244270	81271514	69165653	73330447	77863370	73095453	76719182	76176970	60227824	60912249	71349345
ATG62420.1;ATG62420.2	VIPP1, AVM31 - vesicle-inducing protein in plastids 1	7.26E-02	1.81	264	5	5	2h	0h	0h	185658	255474	183758	239838	228090	168626	248161	239877	169576	216123	237976	214497	176030	226882	224062	187627	174108	125790	207298	357858	134813
ATG56130.1;ATG56130.2	biotin/lipoyl attachment domain-containing protein	7.26E-02	1.73	66	2	2	2h	0h	0h	49195	51904	61300	55099	29277	42192	47449	75405	85006	82984	67070	68539	66567	34784	63344	44684	46116	44388	69019	79090	53729
ATG13370.1	Auxin-responsive protein	7.30E-02	8.98	43	1	1	24h	2h	0h	4023	1778	12733	2934	703	116	3472	1287	5118	4166	5198	7311	1966	2407	3075	6089	9648	2044	23638	5651	6413
ATG34050.1;ATG34050.2	ATGSNAT1-5 - Serotonin N-acetyltransferase-dependent methyltransferases superfamily protein	7.35E-02	1.42	442	10	10	4h	0h	0h	854602	809755	913665	798938	1443101	968119	1164734	1264403	996926	1070996	1267816	1173230	1055531	1346143	969322	937102	1376498	1095585	905371	873516
ATG42100.1	ATBG_PPAP, ATBG_PAP_BG, PPAP - beta-1,3-glucanase_putative	7.38E-02	2.17	72	2	2	4h	0h	0h	45024	36588	54554	75700	47015	45649	86093	64020	85903	61928	57576	39492	57446	33610	38015	28323	45066	35488	49481	26535	61543
ATG28500.1;ATG28500.2	unknown protein	7.40E-02	1.27	536	9	9	24h	2h	0h	1592920	1454125	1319512	1436166	1619280	1677783	1510726	1511523	1506034	1508165	1513976	1379056	1480948	1680884	1283956	1561309	1349897	1216326	1310306	1257362	1303873	1365690
ATG44260.1	FUC95A - 1,2-alpha-L-fucosidase	7.42E-02	2.23	20	1	1	24h	6h	0h	29968	47165	27139	30042	23649	20660	18645	40415	12932	16952	24191	12675	22880	31121	26098	23127	20071	13604	49045	43102	27773
ATG16640.1;ATG05540.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	7.51E-02	1.36	924	13	13	2h	0h	0h	5147795	4315545	3412023	5482594	5596029	6454203	6218189	5864700	5430076	5318732	6280786	5571838	6640065	5002772	5740115	6488970	5433283	5285450	4628870	6075860	5457461
ATG58480.1;ATG15730.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	7.53E-02	1.82	102	3	3	24h	0h	0h	72440	95759	146768	145606	108731	107339	112290	106863	179299	132566	107339	112796	87867	62499	111123	161730	100859	202471	82469	73467	102447
ATG59750.2	Tudor/, Atlsdor/L, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	7.54E-02	2.16	203	4	3	6h	0h	0h	69090	68450	89941	66804	94861	91400	121627	72572	70390	61491	51716	64031	94063	75535	85547	75570	61329	85718	74619	134059	74442
ATG32670.1	Single hybrid motif superfamily protein	7.56E-02	1.26	230	5	4	4h	0h	0h	595766	534628	651525	563128	657002	591355	644327	600476	860871	644996	744928	675350	593927	518853	538819	590055	649599	701530	575871	577044	567921
ATG25130.1	PMDH8 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 4	7.57E-02	1.20	480	6	6	2h	0h	0h	2167547	1915691	1562765	2284726	2423173	2159604	1949279	2153462	2159604	1744213	1964502	2152785	2154748	2060218	1985805	1832434	1914347	2060218	1985805	1962493	2043793	1942380
ATG50960.1	NBP35, ATNBP35 - nucleotide binding protein 35	7.60E-02	2.11	61	1	1	6h	0h	0h	1546	2295	2824	2530	2016	2097	2366	2628	1468	4580	3801	3889	2326	2354	1124	1158	1568	3270	4059	3781	2207
ATG23600.1;ATG21060.3	Glycine-tRNA(Ala) 1-glutamate-2-ligase - aminoacyltransferase-like family protein	7.62E-02	1.72	161	4	3	24h	0h	0h	234601	197532	153507	254720	264772	246621	241653	254474	273158	219416	263883	234823	206833	249919	242746	291947	247187	238189	234420	241323	248628
ATG04750.1	F3T0-ATPase inhibitor protein, putative	7.62E-02	2.42	39	1	1	2h	0h	0h	3580	4022	5373	3579	2787	2206	2848	3758	8035	5793	6586	8389	5699	2392	3152	5006	5736	5007	3136	4975	4293
ATG22390.1;ATGD2390.2;ATGD22390.3	ATGSTZ1, GSTZ1B, GSTZ1 - glutathione S-transferase zeta 1	7.72E-02	2.19	53	1	1	24h	2h	0h	55489	76367	69958	28983	56345	52168	87271	49040	40078	66899	57568	56325	38012	74503	57870	59038	77566	53640	114379	108945	77989
ATG58475.1;ATG03205.1	ATC2, HSM13, ATCPD-1 - Cyclopropylisomyin III oxidase	7.75E-02	1.24	282	6	4	2h	0h	0h	235148	218266	246631	156003	274210	216034	233669	228559	251560	215607	241158	204944	194514	201875	240893	212735	200748	220545	188087
ATG58580.1;ATG10430.1;ATG42500.1;ATG	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	7.76E-02	1.47	282	6	4	4h	0h	0h	151590	164892	193442	208362	224745	205313	261440	190215	272337	210107	176271	204331	181589	210092	211007	213959	173002	211885	275907	285214	189663
ATG14430.1	IBR10, ATIEC2, EC2, ICH1B, PIC12 - indole-3-butyric acid response 10	7.77E-02	1.49	79	1	1	24h	6h	0h	57904	45408	31875	47269	51096	48800	52452	49252	62806	46658	52948	35129	46958	53773	49883	46262	48248	49800	75304	60781	61744
ATG51460.1	APS1 - ATP-sulfurylase 1	7.78E-02	1.95	977	17	9	10h	0h	0h	807779	838499	1470316	1560278	1527934	1121002	1950923	1027172	1600966	1370372	1670794	1575084	1741941	2180159	1849525	1999729	1681080	1288389	1592229	
ATG04200.1	unknown protein	7.80E-02	1.55	21	1	1	8h	0h	0h	8587	12441	15317	15835	15199	11463	11806	10764	11299	15101	12737	14357	10032	8834	8530	13295	12855	13356	9234	12604	15041
ATG26520.1	TPT2, SITP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	7.88E-02	2.86	31	1	1	24h	0h	0h	102163	104106	177916	47831	71777	85908	62521	46087	119120	64427	39482	72147	65478	59749	115530	62776	52760	102427	34674	37592	62037
ATG22760.1	ATNIMV, ATVC11, NIMV1 - vsDNA-binding transcriptional regulator	7.90E-02	1.35	230	4	4	2h	0h	0h	125370	139277	132477	26220	145041	136655	124744	152458	114767	92696	121306	128501	105232	124352	102149	82014	95165	91201	116939	105853	107533	103291
ATG58000.1	Reticulon family protein	7.94E-02	1.83	39	1	1	24h	2h	0h	118112	85517	99869	62244	81224	105648	50104	117895	95985	105386	106448	100301	67155	99197	101637	79043	109831	77928	160886	161158	133003
ATG14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	7.95E-02	1.23	667	11	11	2h	2h	0h	1093501	1397489	1496589	1415519	1448614	1430674	1476897	1424754	1268046	1340170	1249864	1263469	1476898	1278519	1357824	1195150	1183095	1225206	1038865	1249429	1210540
ATG54170.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	8.01E-02	1.63	1024	17	8	10h	0h	0h	220752	273153	260418	318483	287726	219677	285887	240836	224786	216425	215367	210126	179686	225315	306188	292838	283179	287655	368302	354720	330181
ATG49940.1;ATG28030.1	ATCYSD1, CYSD1 - cysteine synthase D1	8.02E-02	1.54	271	6	6	1h	0h	0h	27981	18889	38073	35445	45027	42149	39666	24510	31345	30552	19451	29784	37688	33732	39092	42388	39714	36002	27206	30754	30458
ATG34690.1	unknown protein	8.04E-02	2.02	137	4	4	6h	0h	0h	23709	17956	29770	32041	25018	25803	29705	30916	18377	25909	26310	21765	25335	38013	23599	29873	33794	34220	29496	7730	18459	19426
ATG17820.1	ATGSK66, GLN3, 3, GLN1;3 - glutamine synthetase 1.3	8.07E-02	2.40	660	8	2	24h	0h	0h	24684	54338	36786	24680	43655	42245	36310	26716	47097	62889	23180	35391	72173	100968	57232	42053	45422	19353	64642	107536	49241
ATG14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	8.13E-02	1.60	21	1	1	4h	0h	0h	109501	112127	128514	67096	87784	90455	62702	74512	81130	96958	100350	65077	67986	61269	90440	74109	83784	122425	60389	77286	87326
ATG52830.1	MAA4, IMS3 - methionyl-tRNA synthetase 1	8.20E-02	1.82	171	4	4	3h	0h	0h	61565	39742	49794	75094	72263	78384	49072	51457	52763	59805	51392	57547	72232	64036	73313	70382	52799	62226	27347	46138	50819
ATG02500.1	SAM1, SAM-1, MAT1, ATSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	8.22E-02	2.12	1058	18	7	24h	0h	0h	100866	163938	375138	370478	319779	228733	209580	345106	366172	488517	400923	196481	345564	341589	418581	355891	402231	586198	313759	572502	487563	298918
ATG51520.1	ASP3, YS4 - aspartate aminotransferase 3	8.26E-02	1.65	378	7	4	6h	0h	0h	81833	99567	94088	93581	103821	91508	99888	87203	77264	77889	78088	54042	104892	90908	95876	111001	107086	99508	120013	182240	105568	102756
ATG52340.1	Ribosomal protein S13/S18 family protein	8.31E-02	2.49	108	3	3	24h	0h	0h	137313	273897	194486	144865	193151	163054	76863	137939	254049	158408	194760	204603	135093	135133	142305	153685	142810	96395	89217	115546	216216	280881	221896
ATG46830.1	CCA1 - circadian clock associated 1	8.34E-02	2.13	44	2	2	1h	0h	0h	16680	37853	40438	47829	24777	26677	20286	44649	32054	61403	51370	37433	31818	39262	29272	28168	37569	48525	57763	46245	29380	40623	28845
ATG11600.1	ATGPX6, PHGPX, LSC803, GPX6 - glutathione peroxidase 6	8.39E-02	1.58	131	2	2	24h	0h	0h	480409	481821	308416	347534	477056	579453	490173	452307	548063	464599	397010	457088	437637	451811	585625	574799	457554	730832	648095	614992	740922
ATG52840.1	BGAL2 - beta-galactosidase 2	8.43E-02	2.06	278	3	3	24h	0h	0h	138337	144062	58833	102776	245160	249251	207376	245160	249251	182056	178234	164450	119602	176564	142725	164427	155295	129738	173864	94428	134419	172614	131353	160439
ATG23210.1	HSP82 - heat shock protein 82.2	8.45E-02	1.31	531	10	10	4h	0h	0h	196937	175967	163786	24840	43655	42245	36310	26716	47097	62889	23180	35391	72173	100968	57232	42053	45422	19353	64642	107536	49241
ATG52700.1	Tudor/, Atlsdor/L, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	8.46E-02	1.69	262	5	4	2h	0h

ATG2	2730.1.AT1G04810.1	265 proteasome regulatory subunit, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	1.43E-01	1.44	297	8	7	24h	6h	24h	148440	181994	196278	152186	172342	213362	198978	171232	155028	183989	130184	146569	204644	244146	174410	208211	193238	184355	252520	235327	177355
ATG2	2410.1.ATG23400.1	ACPT, CPT - cis-prenyltransferase	1.44E-01	1.68	51	2	1	6h	24h	24h	79956	79113	122491	129024	78708	78384	104024	78862	103801	122035	89681	105862	100638	73808	96077	107133	77371	69541	65723	56168	67661
ATG	2730.1	IPK2α, ATP/PCA - inositol polyphosphate kinase 2 alpha	1.44E-01	2.05	53	1	1	24h	6h	24h	10198	10776	8781	27641	21112	21393	35839	30948	22992	18012	26140	23607	28512	22303	40943	44766	29775	23229	27142	45199	39809
ATG	9910.1	AP4x4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	1.44E-01	1.85	498	8	8	24h	6h	24h	1262972	1188910	958760	1001092	719940	595815	761212	678586	615197	749247	410216	683498	807219	612923	737582	774480	437575	763696	1116662	537852	758513
ATG	1705.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	1.44E-01	2.18	170	3	3	6h	24h	24h	33313	67906	19715	81107	75477	103066	99318	92245	72361	54739	82214	95773	90921	52980	81102	67358	33493	106296	32247	62203	69941
ATG	1360.1	ATG7, SGA7 - alanine:glyoxylate aminotransferase	1.45E-01	1.33	1523	20	20	6h	24h	24h	12871388	12237397	13901121	14301785	13350713	14071044	13507386	13451847	16197608	14655214	11195240	16231035	11669691	14393424	15639328	14096980	13892109	14974032	12340025	12606540	12478614
ATG	4410.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	1.46E-01	1.56	515	13	6	8h	0h	6h	178362	245343	212328	339043	278709	180763	326597	313919	278653	327875	234470	296484	314661	250899	361395	324762	326090	263983	321223	286051	318326
ATG	2830.1	GR-RBP4, GRP4 - glycine-rich RNA-binding protein 4	1.46E-01	1.58	27	1	1	8h	0h	6h	104723	116657	98027	108222	73678	63682	109925	180267	84507	120060	92785	150358	62415	90475	84787	98140	106799	79643	138378	112490	105502
ATG	5690.1	ATFER3, FER3 - ferritin 3	1.46E-01	1.88	121	2	2	6h	0h	6h	97772	100514	74606	116583	130302	140588	175545	88969	247553	140100	152996	135957	116960	105592	125160	114528	137596	148652	120640	149917	141152
ATG	2310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.46E-01	2.31	135	3	1	24h	6h	6h	27860	9544	31798	24486	25756	22538	25107	16316	19590	11971	17243	9168	15074	20035	9519	8810	3921	26162	34226	31373	23137
ATG	4370.1	ATNMNL, NPM3, MAPKE, ATMAPKE - MAP kinase 6	1.46E-01	2.07	146	3	3	24h	0h	6h	57561	58020	13026	60708	37503	69704	93771	80874	80883	55080	57132	70230	83217	67378	70261	67947	54605	48249	59466	107974	99760
ATG	9510.1	Pectinacetylesterase family protein	1.47E-01	3.22	38	1	1	10h	4h	24h	4366	4950	6649	5074	679	2762	3089	907	1492	3006	3438	2512	2443	2918	3397	728	889	3341	2466	959	1980
ATG	2540.1	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	1.47E-01	1.57	239	3	3	8h	2h	6h	71067	89827	109487	64387	80007	54119	88747	87771	78138	86459	88160	121351	115161	89763	86700	101698	100228	72507	88392	79333	74693
ATG	7830.1	OXP1 - oxoprolinase 1	1.47E-01	1.37	279	6	6	8h	0h	6h	110075	99403	115878	107668	126396	106009	100177	89636	103117	104533	88350	81773	101220	137373	118140	103730	97510	116125	127795	88328	96986
ATG	8590.1	Phosphoglycerate mutase, 2,3-bisphosphoglycerate-independent	1.47E-01	1.31	1257	24	16	8h	0h	6h	1814683	1795276	1220868	1583457	2051468	1881324	1824372	1873534	1624596	1828118	1999914	2075583	1745017	2010746	2104688	2089167	2085041	1909344	2194905	2268523	1877902
ATG|2330.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	1.48E-01	2.35	35	1	1	8h	0h	6h	6075	8477	10670	7298	6232	5929	8418	5929	8718	10329	15054	9012	14496	6732	4406	5274	8108	9013	13841	8634	5451	8809
ATG	7810.1	PYD1 - pyridoxine 1	1.48E-01	1.59	673	11	11	24h	6h	24h	1160224	1806473	1548328	1217676	1794123	1034918	1451687	1273027	1491967	1631373	1368264	1322458	1758785	1668886	1312206	1340320	1247045	849667	1601040	1996422	1805895
ATG	2780.1	UGE1, ATUGE1 - UDP-D-glucose/UDP-D-galactose 4-epimerase 1	1.48E-01	1.60	224	5	4	6h	24h	24h	217182	143871	111254	117680	120207	93789	100549	105308	90190	121047	106748	106103	135758	111189	122489	105762	106406	103785	131030	87814	133058
ATG	8490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.48E-01	1.46	235	3	3	8h	0h	6h	642527	587298	599265	440402	696348	651855	759004	666225	630017	733215	583055	573320	734449	771820	570891	592882	627050	495625	530578	601553	617806
ATG	5900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	1.48E-01	1.40	366	8	8	8h	0h	6h	971559	755175	991501	730232	971345	813190	933180	889759	669045	903689	846235	787722	840891	906440	827445	780965	1012958	695273	1418479	1141651	935259
ATG	2690.1	AT-HF, HSHM - HIS HF	1.50E-01	1.43	471	8	8	24h	6h	6h	608326	533281	613524	551746	598966	507269	877890	468159	554419	449184	404887	472624	493554	462515	526758	430847	494863	522523	558778	502354	496500
ATG	4680.1	NRTC - NAD(P)H-dependent thioredoxin reductase C	1.50E-01	1.31	749	11	11	24h	6h	24h	2289927	2396021	2764019	1995150	2268486	2569076	1761199	1917038	2449058	2091190	1676939	2065124	1794099	2175840	2348374	2139161	1920881	1862868	1715746	1863888	2066971
ATG|6060.1 ATG|6060.2 ATG|60600.2	GCPL, CQS1, CL84, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	1.50E-01	1.37	1369	22	22	6h	24h	24h	1743470	2410920	2082448	2678377	2329249	2076192	3193192	1876511	2605536	2369312	1614264	2265026	2304211	2197010	2223385	2285224	2230531	2224443	1581181	2230241	1990632
ATG	2060.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	1.51E-01	1.53	183	3	3	24h	6h	24h	49524	46816	63276	47119	50232	36876	33868	41871	49300	55712	52609	43887	35381	59030	40665	37985	48657	40307	39202	36442	28649
ATG|3100.1 ATG|3190.2	ATPRIP1, ATPRIP2, PRIP1 - prenylequence protease 1	1.52E-01	1.28	2504	51	37	2h	10h	24h	1614015	4052030	4984414	5729051	5338247	5116333	5493977	4179164	4629344	4755817	4656834	3915561	6058350	5169057	4629346	4115064	4135064	4161626	3852488	4965152	4026552
ATG	4380.1	SAL1, ALX8, ATSAL1, HOS2, FRY1, RON1 - Inositol monophosphatase family protein	1.52E-01	1.29	421	8	8	24h	0h	6h	714950	734464	688703	540302	730614	700863	808108	609709	740480	666001	719850	682444	626139	717049	669598	729224	773179	709645	983241	809931	746894
ATG|8330.1 ATG|5830.2 ATG|58330.3	lactate/malate dehydrogenase family protein	1.53E-01	1.22	1094	14	13	2h	24h	24h	5130854	4852631	5392771	4577308	5270035	5721157	4740966	4777891	5252821	4759631	4638885	5376141	4585254	4872743	4614613	5285195	4937258	4590540	3589334	4415280	4741868
ATG	7260.1	ATCAD, CAD1 - cinnamyl-alcohol dehydrogenase	1.53E-01	1.61	201	4	4	24h	6h	6h	60681	88241	78939	66212	67510	49467	53926	67761	58913	66818	70299	62508	56664	69870	54219	64298	94550	62277	118567	79363	75254
ATG	4590.1	Chitinase family protein	1.53E-01	4.59	122	2	2	24h	6h	6h	46509	26701	7284	14940	23687	23610	24645	10582	66219	20288	32731	7978	29711	21745	17089	46508	59793	23988	155591	87177	37110
ATG	4410.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	1.53E-01	1.32	174	3	3	8h	0h	6h	1337232	1548206	1171274	948317	1298001	1118177	909780	1138997	1057780	1039938	1113404	1214621	913721	1380440	1109458	902562	1095264	1077812	1339158	1264120	1245501
ATG	6540.1	Cytochrome P450 superfamily protein	1.54E-01	1.67	30	1	1	24h	6h	6h	108936	92047	70157	78602	112551	90419	158313	84467	103943	82870	92087	80406	101383	85498	105760	95041	99518	115311	98435	111146	121911
ATG	4050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	1.54E-01	1.63	158	3	3	24h	10h	10h	37301	54068	59137	48137	49185	46160	65355	38283	82467	47317	46651	46105	38863	65561	47147	49937	38222	44777	61585	76247	79210
ATG	7130.1	IDH2, IDH-II - isocitrate dehydrogenase subunit 2	1.54E-01	3.07	142	3	3	24h	10h	10h	2016	9343	7852	3974	3464	2181	6196	6464	8429	8292	3390	5968	6926	6828	6790	9302	7717	4859	13821	9702	5995
ATG	7560.1	BAR-like protein	1.54E-01	1.47	3	1	1	2h	6h	6h	210829	216205	104617	208698	200103	207678	270611	226469	215053	243970	275248	211059	173916	241136	281348	242740	280280	189869	268137	228263	
ATG|4760.1 ATG|62870.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	1.55E-01	2.63	2153426	160	5	5	2h	6h	246353	211426	301227	380592	280155	461602	363437	226194	263803	303091	172658	216448	438516	274830	384922	325814	264584	336760	291816	300969	339193
ATG	6490.1	Ribonuclease H protein At1g65750, mitochondrial	1.55E-01	1.82	98	3	3	6h	24h	24h	5265	5245	5470	4509	8008	5741	5889	2506	4681	4488	3253	3501	5460	4410	3146	5553	4967	7953	4500	4989	
ATG	2210.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	1.55E-01	1.38	282	4	4	24h	6h	24h	679922	804248	715452	597900	602866	577879	713217	692318	808496	757752	781171	727778	694608	687994	679969	743436	883279	613875	1023089	798811	639244
ATG	2520.1	SHM3, ASHMT3 - serine hydroxymethyltransferase 3	1.55E-01	1.26	332	8	7	0h	6h	24h	224501	252002	282777	215490	260672	260512	220564	212261	191261	231561	218965	251202	229721	291632	239490	251583	208589	206911	211467	254729	207715
ATG	8230.1	unknown protein	1.55E-01	3.94	62	1	1	8h	0h	6h	2339	2458	7578	3228	1015	3386	1274	4485	4264	3748	1246	1294	758	1092	974	2192	2069	2145	3706	3470	
ATG	7710.1	ATPOL1-2, PDI6, ATPDI6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	1.56E-01	1.56	692	11	8	8h	2h	2h	6734504	599861	591464	442787	671681	683862	799381	817938	547010	905013	811175	500455	836802	1281551	688161	1088093	979166	683265	1062438	876556	838294
ATG|6470.1 ATG|47470.2 ATG|47470.3 ATG|47470.4	ATPOL1-2, UNE5, MSE0, PDIL1-1, ATPDI1 - thioredoxin family protein	1.57E-01	1.44	404	8	8	8h	24h	0h	707743	638459	619447	588909	802075	790773	868410	837222	842467	787017	847441	781525	846911	785739	878214	920030	729091	736224	725632	1063473	747507
ATG	4810.1	EDD1, EDD - phosphoribosyl-AMP cyclase	1.57E-01	1.35	530	12	12	2h	6h	6h	384956	387937	335237	323157	479649	479288	388726	388068	331991	339232	323665	327722	347376	387020	295705	336152	331940	347423	333571	284741	
ATG	2080.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	1.57E-01	1.34	282	6	6	24h	6h	24h	340772	449994	428246	406955	411546	317354	656516	398410	444438	380053	398674	405312	421630	424816	484417	446452	465331	422910	572270	460087	485960
ATG	7920.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.57E-01	1.34	2037	30	11	24h	6h	24h	952454	880840	1134620	880102	994511	898509	1180734	1014191	993837	1098893	900801	944989	958325	1100922	1039594	1063699	1125117	964774	1498108	1186285	1031459
ATG|5970.1 ATG|51390.1 ATG|20970.2	MYUK, ATMYUK2 - domain of unknown function	1.57E-01	1.36	233	4	4	24h	6h	24h	98088	94262	125583	88224	106678	102838	91373	104302	106531	102665	114238	114906	105237	102445	104996	116890	80968	98900	126132	157118	115753
ATG	7630.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	1.58E-01	1.54	40	1	1	24h	6h	24h	26213	23642	25621	23464	24384	18566	12861	20349	16324	15653	16363	17139	17707	15866	17788	11720	17564	27969	16048	15388	21920
ATG|6680.1 ATG|56880.1	Target of Myb protein 1	1.59E-01	2.37	136	2	2	24h	6h	24h	19133	42420	31283	34029	17494	10559	18398	39340	28203	31780	24166	34847	41323	30236	34477	48913	39671	25916	60966	55412	30677
ATG|2860.1 ATG|21860.2	MSRB2 - methionine sulfoxide reductase B 2	1.60E-01	1.21	392	7	7	24h	6h	24h	1930224	1514796	1976604	1778737	2047901	1724367	1712146	1762458	1810670	2023279	1893271	1810707	1945743	1961600	1910215	1853861	1814285	1601935	1610935	1608240	1628562	1613653
ATG	4290.1	ASK2, SKP1B - E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein	1.61E-01	2.05	138	1	1	2h	0h	6h	20957	21627	6817	29621	33989	37791	29695	30831	31659	19637	30605	25811	37863	18846	26507	31482	21883	28311	34057	25547	32053
ATG|2620.1 ATG|20620.4 ATG|20620.5	ATG, SDN2, ATG5 - autophagy 5	1.61E-01	1.36	1801	26	18	6h	24h	24h	2467373	2258703	1998385	1719378	2160016	1979388	1860628	1849237	1644269	1916334	1758224	1782374	2454437	2074970	2305179	2001884	1784092	2225156	1706786	2170586	
ATG|2340.1	CLPP2, NCLP?? - nuclear-encoded CLP protease P?	1.62E-01	1.32	236	4	4	24h	6h	24h	1693024	1514796	1979604	1778737	2047901	1724367	1712146	1762458	1810670	2023279	1893271	1810707	1945743	1961600	1910215	1853861	1814285	1601935	1610935	1608240	1628562	1613653
ATG	2670.1	Glutamyl/glutaminyl-tRNA synthetase, class Ic	1.62E-01	1.46	76	3	3	6h	24h	24h	108796	97130	83775	142902	142603	104233	188517	110643	123927	119324	94894	101818	103146	111375	134459	142404	136816	131331	131387	82368	115888
ATG|4660.1 ATG|44680.1	FAM7, SDN1, ATSDN1 - suppressor of nonfunctional decay factor	1.62E-01	1.70	295	6	6	8h	0h	6h	278423	505554	349055	235178	306088	269423	315929	278152	335247	327195	280763	315360	345595	410606	415585	467526	362095	309021	400203	400283	330083
ATG	2660.1	Polynucleotide adenylyltransferase family protein	1.62E-01	1.58	20	1	1	6h	24h	24h	81808	81839	62619	62224	62418	69228	49312	67139	26481	55223	63351	55877	58889	62904	71985	77778	64072	65079	72826	52988	79219
ATG	6190.1	Phosphoglycerate kinase family protein	1.63E-01	1.17	2259	26	9	8h	0h	6h	3977865	4318212	3715147	4263462	4738858	4182737	4684154	4397835	4570385	3470683	3982163	4247030	3972128	3800297	4354234	4120188	4203511	4541606	3436304	4110987	4400697
ATG	4100.1	UPM2, ATUD1 - isoprenylcysteine ICMT homologue-like protein 2	1.63E-01	2.67	226	3	3	6h	24h	24h	1811	5307	13595	17493	7681	9070	14470	20404	11095	18530	13145	17122	21841	24264	9281	17094	5218	2786	5565	9056	12890
ATG	1900.1	Translation initiation factor SUI1 family protein	1.64E-01	4.85	66	1	1	24h	6h	6h	17933	12990	23107	0	0	16677	0	8855	25693	11375	13777	10109	3133	17327	3008	2924	6556	2520	22097	28627	7531
ATG	2250.2	ATAAT, AAT, ME017 - aspartate aminotransferase	1.64E-01	1.65	64	2	2	8h	0h	6h	47393	58322	83536	50891	48864	81815	46019	59989	66961	61251	25990	47682	67893	62937	84712	43819	32197	54385	60171	76983	69800
ATG|5120.1 ATG|56540.1	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	1.64E-01	1.32	422	8	8	6h	24h	24h	1476179	1146668	1065654	1248313	1449096	1277088	1834661	1285094	1442690	1256422	1144774	1088394	1304785	1380558	1222661	1357737	1203609	1082627	1458331	1224644	
ATG|6030.1 ATG|63010.1 ATG|63010.3	FGGY family of carbohydrate kinase	1.65E-01	1.81	164	4	4	4h	0h	6h	42316	38730	35496	54800	62052	41898	109915	57938	42785	50824	41946	41450	46097	43025	53404	45676	37186	45250	47064	39309	44505
ATG	6610.1	Protein of unknown function (DUF1421)	1.66E-01	6.47	29	1	1	24h	6h	6h	2147	4270	1913	1340	1572	3585	3485	5465	3018	1972	4984	4719	4921	3176	3479	4422	2223	7661	6089	4187	
ATG|2350.1 ATG|22760.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	1.67E-01	2.08	161	4	2	24h	0h	6h	90053	100877	231334	151865	127612	140913	108561	120520	209401	148246	72748	147379	88403	71379	96961	95653	125811	95799	162112	210821	162132
ATG	8980.1	ATAMI1, AMI1, ATTOC64-1, TOC64-1 - amidase 1	1.68E-01	1.40	192	7	7	2h	10h	10h	6031583	4762884	5096313	4527407	6090031	7464436	6566112	5619909	4632269	4824666	4760168	4163732	5262221	5761122	4912245	4703382	4212387	3982283	4611403	5726305	5131550
ATG	6660.1	GR_RMB19G1_062 - glutathione reductase	1.68E-01	1.13	524	14	14	24h	6h	24h	1518078	1615214	1560649	1421582	1446242	1320730	1515782	1574464	1518500	1500916	1474455	1468077	1574779	1560154	1429913	1316189	1310477	1312201	1512315	1462314	
ATG|9260.1 ATG|39260.2 ATG|39260.4	CCR1, ATGRP8, GR-RBP8, GRP8 - cold, circadian rhythm, and RNA binding 1	1.68E-01	2.74	548	8	8	8h	0h	6h	614105	614340	1714563	1015934	348165	994727	553072	978876	922796	697696	364012	568831	543857	288688	240454	351355	638809	692079	599387	854258	1189041
ATG	2760.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	1.68E-01	1.63	134	3	2	8h	6h	6h	38265	37787	32423	53458	38277	47637	50613	39408	34865	40226	23511	29841	46082	39289	66726	41263	38630	31225	50264	31396	33341
ATG	2910.1	ATSS, RFN2 - non-ATPase subunit 9	1.68E-01	1.55	137	3	3	6h	24h	24h	66817	79270	68285	127622	99456	82756	136112	107448	87705	76636	88225	87623	111715	62881	96390	116621	81095	106405	92888	95023	102223
ATG|1800.1 ATG|01800.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.68E-01	1.22	358	5	4	6h	0h	6h	332682	367892	299382	417513	442085	362498	430536	346457	312292	324023	380344	329751	430861	385786	395956	414155	365447	388040	345580	397916	324870
ATG	1330.1	PA200 - proteasome activating protein 200	1.68E-01	2.30	141	3	3	10h	0h	6h	20327	19130	8702	29733	36881	30883	30875	28378	20036	17542	31799	27807	35360	20006	31806	49942	19543	41262	18776	36012	33001
ATG	8220.1	TRAF-like family protein	1.68E-01	1.97	31	1	1	24h	4h	24h	39175	34890	32965	19337	28236	33882	15517	12696	31656	20000	28556	36977	14448	44569	28386	25539	21481	14697	49054	35836	36995
ATG|5360.1 ATG|53360.2 ATG|53360.3	CAC2 - acetyl-Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	1.70E-01	1.22	865	20	17	10h	0h	6h	2653847	2769808	2686562	2904107	2623665	2721966	2679418	2463402	3015518	2989659	2370440	2755390	2657336	2734564	2644123	3079403	2976746	2495590	2235712	2494063	2295979
ATG|6650.1 ATG|56650.2	Tautomerase/MIF superfamily protein	1.70E-01	1.18	224	4	4	0h	6h	24h	969022	1126735	1095849	809892	1016693	960841	1091622	1006725	1065942	1047107	967125	1079902	944656	936441	1059946	805658	978794	930873	978305	999239	1196502
ATG	7050.1	UGT76D2 - UDP-glucosyltransferase 76D2	1.72E-01	1.88	76	2	1	24h	6h	6h	34439	28860	35972	41350	38250	54412	35022	36551	38296	26536	56003	52500	46794	27591	41426	38655	35190	41006	39275	28552	41833
ATG|6420.1 ATG|56420.2	ADA2B, PR23 - homolog of yeast ADA2 2B	1.72E-01	1.47	26	1	1	2h	6h	6h	51024	53465	61460	47243	31413	36518	30402	53733	57664	60698	49494	58699	39645	48690	43116	48107	56723	45559	52323	43121	47077
ATG	5870.1	MSRB1, ATMSRB1 - methionine sulfoxide reductase B 1	1.77E-01	1.77	140	3	3	10h	0h	6h	56795	51343	79618	39102	56117	61714	61001	51257	59373	72566	53846	70931	52777	60557	55034	52894	48511	54315	54393	48560	
ATG	1092.1	L-Aspartase-like family protein	1.73E-01	1.22	295	7	6	2h	6h	6h	34286	346010	279902	350807	401109	370096	381775	356024	336272	303226	320529	295181	330824	330472	339743	387584	308427	305869	347565	370896	
ATG|2850.1 ATG|64400.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	1.73E-01	1.63	183	3	3	6h	24h	24h	70489	95717	70109	99553	96451	90522	111843	96682	64755	80667	85603	61497	80624	102724	86528	78142	68123	99367	162527	121334	87692
ATG	6630.1	UDE1, ATUDE1 - UTP-glucose-1-phosphate	1.74E-01	1.28	2316	29	28	6h	24h	24h	1784388	1495214	1516027	1744924	1744393	1547412	2370792	1517197	1614698	1810525	1628034	1756220	1777744	1736865	1729532	1946640	1782810	1614021	2457453	1894837	1836470
ATG	7260.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	1.74E-01	2.01	23	1	1	2h	10h	10h	19203	23155	6901	34432	25558	23167	32906	30188	38226	37860	31248	33411	16050	38883	38826	30423	31753	22349	25558	30436	
ATG|4380.1	Ribosomal protein S14p/S29e family protein	1.74E-01	1.84	1845	24	24	24h	6h	24h	35616	37939	78141	34578	24138	25140	29166	37451	24380	78906	50021	38609	45441	63063	50780	42122	56416	67187	40012	33551	24835	30480
ATG	1100.1	UDT76B1 - UDP-glucosyltransferase 76B1	1.75E-01	1.33	128	3	3	6h	24h	24h	178492	201104	197400	118440	122658	179300	221548	167951	184189	164089	136925	173075	191357	205816	205039	186266	227220	198209	275547	221858	197238
ATG	2450.1	FAD-dependent oxidoreductase family protein	1.75E-01	1.53	31	1	1	8h	0h	6h	62752	69893	102303	72028	55460	66837	51802	85181	67676	54009	38825	36788	59862	69656	39948	54251	68926	66666	57800	57876	
ATG	2190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.75E-01	1.65	970	20	9	10h	0h	6h	335872	417149	423540	667496	456976	417843	509630	317335	591149	435258	267465	369237	389032	554589	511875	593482	603589	567413	574882	302126	370301
ATG	6840.1	CHL11, CHL2, CHL3 - 2-hydroxychlorophyllide a reducing nucleotide-dependent epimerase	1.76E-01	1.45	746	13	13	2h	6h	6h	569572	802054	806083	556765	711545	638614	927030	719881	838219	818520	765912	1023232	969312	1127936	1165220	1053499	753493	1127290	1084502	1017669	856066
ATG	6280.1 ATG	62780.2	Glyc

AT4G25220.1	Cyclase family protein	2.61E-01	3.80	61	1		0	0h	6h	2549	2486	2307	6034	3469	1014	6757	2227	3232	0	2210	1130	3271	2825	6582	2983	2131	2066	4731	1754	5181		
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	2.62E-01	1.32	1435	25	9	0	0h	8h	15325329	14646705	17839836	11284899	13408706	14805718	10106643	14709685	16625222	12045816	16908912	15021865	10984586	12203829	13011924	11176351	14486742	12670766	15510116	14894112	15846301		
AT5G38980.1	unknown protein	2.62E-01	1.33	39	1		1	24h	24h	204736	155909	308116	277273	118462	238435	173685	291137	288348	264544	316337	338441	221211	270828	307494	216913	293842	281452	398687	261685	319683		
AT5G21155.1	Phosphoglycerate mutase family protein	2.62E-01	1.54	53	2		1	0h	0h	24237	27799	13488	29225	33281	33540	42497	26378	31827	21298	25220	28078	22138	18166	31669	22293	24145	24895	18449	27353	33529		
AT5G54430.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.64E-01	1.48	258	3		3	24h	10h	134975	187093	232980	172486	198985	151986	149697	220852	185657	179431	173510	146734	160955	169783	191544	136986	172495	141504	212846	269416	189650		
AT5G05440.1	PQL1, PQL2 - PsbQ-like 1	2.64E-01	2.23	53	1		1	2h	10h	34274	32873	14907	39968	24382	44737	27546	21313	29566	14111	27462	21656	20937	12154	29429	12024	9694	27111	16273	24308	27575		
AT5G54160.1	OMT1, OMT5 - O-methyltransferase 1	2.65E-01	2.09	380	8		8	10h	0h	297395	289664	422128	673727	418723	351724	1000641	281717	553730	602099	243948	344807	690552	609884	550161	731431	679995	697821	799561	302918	414016		
AT1G72930.1 AT1G17600.1 AT1G72860.1 ATTIC	TIR - toll/interleukin-1 receptor-like	2.67E-01	1.41	221	5		5	6h	0h	191366	256194	368104	255031	297863	312415	259956	397521	314041	424407	354274	374850	361305	320221	349781	417728	431226	269460	273976	323644	330366		
AT1G72550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	2.68E-01	1.45	122	3		3	24h	2h	106840	128261	117242	98709	82117	87817	141008	100663	90263	118618	109350	71041	115935	103362	115566	111305	122318	90674	159965	112200	118284		
AT4G04170.1	GTP-2 GAMMA - eukaryotic translation initiation factor 2 gamma subunit	2.68E-01	4.33	27	1		1	6h	0h	0	5545	7571	4260	2332	38537	9821	9736	26259	8070	20052	28725	12172	20533	13043	16330	18741	16496	15778	11780	20762		
AT5G04400.1 AT5G63400.2	ADK1 - adenylate kinase 1	2.68E-01	1.46	251	4		4	6h	2h	158994	208119	210501	168250	157941	150893	166185	151812	232551	181033	217485	166071	221696	190225	282709	181610	228912	240495	259962	189190	196438		
AT5G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	2.69E-01	1.50	156	3		3	6h	0h	108037	144538	140910	215746	126265	126117	221102	160382	206901	156905	144624	177401	150002	122173	161838	153555	144086	133290	111896	150470	172300		
AT5G36160.1	Tyrosine transaminase family protein	2.69E-01	2.14	108	3		2	6h	0h	24900	32123	17422	57134	35616	43514	52101	47189	42117	29347	44714	85993	48113	21877	46363	52627	35497	57583	27103	60289	60878		
AT4G30920.1	Cytosol aminopeptidase family protein	2.69E-01	1.39	1023	14		2	6h	6h	280531	256287	197767	207607	220288	259210	411905	253421	278858	261424	249746	237969	214840	253818	209257	278693	285511	250823	276647	300874	249360		
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	2.70E-01	1.21	482	10	10	0	6h	6h	617789	687680	704016	623720	584063	531688	663477	624633	547576	620002	575448	466636	611128	558337	571555	559104	615697	558227	558159	626777	518223		
AT3G62940.1 AT3G62940.2	Cysteine proteinases superfamily protein	2.70E-01	3.00	44	1		1	6h	0h	5986	8319	6536	11906	24332	26236	1977	20682	0	0	21451	0	18094	20265	11555	11380	4101	17386	0	15223	7993		
AT5G05550.1 AT5G66860.1 AT4G01480.1	AtPPA1, PPa1 - pyrophosphatase 1	2.70E-01	1.17	233	4		4	24h	2h	724111	817407	703265	875983	880425	869275	832784	837739	779719	779290	879782	908969	895212	772978	841249	930902	748661	796935	672930	778742	880245		
AT3G17420.1 AT4G35460.1	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NADPH-dependent thioredoxin reductase A	2.70E-01	1.19	301	6		6	24h	2h	543453	545277	701401	554910	550814	580469	571506	572665	579162	589383	543125	556225	609984	673013	612791	644741	718964	563111	788348	623428	591724		
AT1G74040.1	IMS1, MAM-3, YMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	2.70E-01	3.83	409	7		1	2h	24h	5047	2376	17470	10624	3370	11273	15753	3191	4569	5256	8949	8370	4630	2149	0	8842	7952	5250	96	1202	5303		
AT4G17300.1	NGL, CHAL, ATNGL - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	2.71E-01	1.25	262	5		5	6h	10h	337099	330003	335767	277750	349902	317872	278653	281205	321890	343172	308150	309085	260791	324045	260791	296457	329161	278644				
AT4G09795.1	ATATP-PRT2, H1SNI1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyltransferase 2	2.71E-01	1.23	528	7		7	2h	0h	413653	447283	390157	534076	507637	400031	520123	461677	405595	436339	467081	505964	453661	379872	441400	478066	484200	463772	352483	335177	483972		
AT4G23600.1 AT4G23600.2 AT4G23600.3	ATCPN23, CPN23 - Cpn21/Cpn23/Cpn25 superfamily protein	2.72E-01	1.74	1085	21	21	0	24h	4h	3964078	6452059	5066297	4267878	3975343	4421596	4238795	3169483	4100001	3401815	5280665	9056897	4328626	8129948	7106905	4923670	4741353	6508826	8775588	4723941	6587946		
AT5G34850.1	ATPAP2, PAP25 - purple acid phosphatase 25	2.72E-01	1.38	496	12		12	24h	10h	1474489	1864643	1506474	1519244	1542308	1452497	1346801	1594345	1438310	1478390	1480584	1645837	1375852	1596678	1549650	1435068	1443170	1306586	1794897	1666926	1513752		
AT5G04000.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.73E-01	55.08	47	1		1	24h	4h	1015	125	51	46	0	1390	0	0	1806	0	281	281	0	760	497	0	310	0	6648	1834	1427		
AT5G28570.1	Pyruvate kinase family protein	2.73E-01	1.71	196	3		2	6h	0h	144859	135927	87403	159851	159851	131558	131953	159235	162246	130356	152616	192603	136180	202988	171020	172714	143505	205623	176293	138254	165848	177707	141724		
AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	2.73E-01	1.29	91	2		2	6h	24h	42437	30425	33059	45227	40233	44187	35527	37260	34386	47287	36075	51889	41346	28673	42334	39440	35177	37455	31040	31768	42390		
AT3G49270.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	2.74E-01	Infinity	33	1		1	6h	0h	2208	0	2041	0	0	0	0	0	4906	1485	0	6681	1712	9473	1130	0	0	8223	0	0	10577	0	5110		
AT3G57240.1	BG3 - beta-1,3-glucanase 3	2.74E-01	1.55	233	6		6	24h	4h	315694	376053	267954	261124	436768	423128	408525	311021	233137	297310	450945	320127	320515	404499	245956	451085	478855	364755	552460	565565	357625		
AT5G53580.1	diaminopimelate epimerase family protein	2.74E-01	1.26	456	9		7	24h	0h	609600	629124	707942	678813	712193	573203	662838	665503	588685	630095	543131	590709	700396	547126	696010	618336	698416	555048	403706	565723	595952		
AT3G14415.1 AT3G14415.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.75E-01	1.21	2146	29	9	4	6h	24h	4576660	4379373	5671814	5409465	4847591	5133584	5720682	5231127	5166633	5143729	4214450	5356017	4785965	4860830	5502758	4543798	5123071	4716069	4355504	4437372	4554293		
AT4G12930.1	unknown protein	2.76E-01	6.65	53	1		1	24h	4h	10728	21157	8359	1346	11398	24635	0	12063	2670	7256	12842	4129	9196	23652	13891	14309	4422	13534	34743	53386	9765		
AT5G49140.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	2.77E-01	1.97	23	1		1	24h	0h	123942	150767	58128	121544	163328	140892	154059	185424	141699	126639	115622	116172	175467	125936	174502	188026	125209	123309	172289	234171	164834		
AT3G04600.1 ATGD4600.1	Nucleotidyl transferase superfamily protein	2.77E-01	1.48	146	3		2	24h	8h	42079	67676	67277	82033	66450	42554	73115	73940	75678	77793	65307	60287	60022	51588	63773	83192	54818	59846	102441	86552	70660		
AT5G67030.1	Protein kinase superfamily protein with ARM repeat domain	2.77E-01	1.97	23	1		0	6h	4h	49254	13578	40015	37735	35658	25455	18345	11917	31133	42962	31575	27771	37118	38989	22091	38998	43538	16197	39619	24486	22015		
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	2.77E-01	3.80	59	1		1	2h	10h	4888	9826	25951	22233	8510	16117	2802	9183	6811	12491	2008	16655	10449	17758	17148	10766	0	1575	1469	25675	3443		
AT4G17260.1	ENTH/VHS/GAT family protein	2.77E-01	2.05	58	1		1	6h	24h	3765	4206	4101	3851	4242	4938	3133	4509	6273	612	5139	3151	3750	4552	3786	1919	2534	4468	5134	5741	5081		
AT4G35420.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.77E-01	1.74	97	3		3	6h	10h	59721	32597	42609	39746	40595	30522	26042	50950	57954	57299	34524	65591	27759	49058	32494	37492	28422	24399	63140	46146	45306		
AT3G44300.1	NIT2, ANIT2 - nitrilase 2	2.77E-01	2.87	303	7		2	8h	6h	26225	9956	16315	9519	20345	23118	11909	5976	17104	9639	13641	8417	20266	23960	46777	9670	7479	27050	49556	12261	16320		
AT4G26780.1	MEQ1, MEQ2, NFCS1, NFC2 - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	2.79E-01	1.79	47	1		1	24h	0h	1107	1279	1546	1233	1526	1367	1270	1055	578	1158	1538	1047	1538	974	924	377	1042	1410	1818	1749	1525		
AT4G17290.1	AbaAT1 - alanine aminotransferase	2.79E-01	1.28	1024	15	10	10	24h	0h	3054619	2907883	2346331	2649911	3058011	2918233	3534561	2532990	2628705	3093380	2869021	2836276	3211287	3528326	2990103	3939226	3227015	2818151	4179868	3380515	3055409		
AT3G12490.1	ATCYS3, ATCYSC, CYS8 - cystatin 8	2.79E-01	1.27	366	8	8	8	10h	2h	866937	804603	917543	741472	742098	619794	681690	720840	1128102	846090	763229	985023	697374	697751	761024	855408	853755	972016	877265	682348	811864		
AT3G19320.1	unknown protein	2.80E-01	5.34	46	2		1	2h	6h	2394	4052	730	4500	2071	5329	2417	3155	2907	1652	744	0	2479	2003	7181	1690	0	865	835	1123	3290		
AT4G21660.1	Chaperone-Dnaj-domain superfamily protein	2.80E-01	1.47	48	2		2	10h	0h	57066	40394	58817	47775	56947	26635	58974	50853	59732	62732	46912	37532	56618	45645	47616	55481	65275	54999	40626	36468	42615		
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	2.82E-01	1.18	158	11	11	4	6h	10h	6447774	6300391	7805319	6590823	6708123	8343478	6173606	6994325	6927044	6607467	7061830	7005016	6278120	6351112	5892971	5908630	6499100	6015628	6611430	5922184		
AT5G75060.1	Phosphoenolpyruvate/pyruvate family protein	2.82E-01	1.62	187	3		3	24h	4h	259461	222214	234164	286227	158249	247643	358684	322584	300271	373413	377330	319737	242237	217200	255338	172261	208126	230556	221700	191397	205688		
AT4G01900.1	PII, GLB1 - GLNB1 homolog	2.83E-01	1.37	197	3		3	6h	10h	222226	206744	221576	171975	203982	213512	270088	179306	308106	182459	192795	202300	202796	227121	203828	178697	187909	185658	217312	256943	172871		
AT4G49975.1	unknown protein	2.83E-01	2.40	31	1		1	6h	24h	830	1186	2980	1300	275	925	1197	882	2264	1843	1473	1839	1196	759	297	729	711	1526	819	541	1558		
AT1G71810.1	Transmembrane amino acid transporter family protein	2.83E-01	2.85	25	1		1	24h	0h	15618	14193	10264	19942	19421	28612	17597	6703	32237	4200	10554	10347	6184	41789	10561	5970	5606	9556	19374	16969	11289		
AT5G62350.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	2.83E-01	261.82	36	1		1	6h	0h	2082	4021	33957	9709	0	2209	1193	4024	14866	5892	0	16415	0	153	0	0	951	925	77	1868	8539		
AT4G15540.2 ATG45140.1	Protein of unknown function (DUF1350)	2.84E-01	1.70	86	2		2	2h	10h	152865	130011	166530	125061	202238	168175	180052	164843	198454	110954	120462	140266	109427	124663	95214	91803	102197	82407	146668	152071		
AT2G04842.1	EMB2761 - thromb/thrombospondin type 1 domain superfamily protein	2.85E-01	1.22	290	5		5	24h	6h	264973	267319	263719	214953	304392	266374	261106	296802	270212	274961	283466	319389	309313	225283	257727	295777	235479	253718	256410	268560		
AT3G10470.2	KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	2.85E-01	1.73	27	1		1	6h	0h	130427	156711	46608	234949	120797	112246	206572	154386	217620	153735	218423	191537	189931	89263	134726	203539	144874	169960	86098	148802	132042		
AT3G08810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	2.86E-01	1.41	254	4		4	6h	0h	431657	380624	295805	318636	339713	263378	341556	380056	244954	232311	232082	255212	310084	187911	241939	328068	301502	314496	382435	269379	291418		
AT4G16500.1	basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	2.86E-01	1.61	139	3		3	6h	0h	476269	494974	225355	568034	581715	554154	543141	620956	762862	432265	566380	556955	681304	459608	556890	612350	479671	507053	594985	570858		
AT5G27630.1	ACBP5 - acyl-CoA binding protein 5	2.86E-01	1.55	25	1		1	6h	0h	58543	55497	23066	57271	76385	60927	88365	57848	66649	53895	60729	54884	52205	58591	63317	52379	53463	56023	48823	62912	61237		
AT5G05330.1 ATGD9100.1	RPTSA, ATGD9100.1 - Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	2.86E-01	1.60	165	4		4	10h	0h	117953	149111	251492	211062	165269	146424	147552	154545	254584	234374	134888	197099	238697	210135	221270	287273	261271	274980	316939	169939	197658		
AT5G60360.1 ATG45130.1 ATG60360.3	ATPS3, ATPS3A, CYS8 - cystatin 8	2.86E-01	1.34	289	5		5	24h	8h	793261	1003137	524164	555166	742060	470761	730034	732045	616750	717164	669436	526347	581096	608876	572397	608138	608419	555038	950296	695144	724742		
AT3G42130.1 ATG42130.5	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.86E-01	1.77	243	5		1	2h	4h	11073	12417	19165	10778	16871	17826	9946	7929	7806	14021	12509	5845	9064	8616	17320	16281	11345	13415	13049	8758	8442		
AT5G05610.1	UGT1, UGT75B1 - UDP-glycosyltransferase 75B1	2.86E-01	1.62	189	3		3	24h	0h	20820	14197	8620	32363	15278	16509	16249	18356	19968	17999	21109	20563	19153	17719	18531	18374	13287	16207	26626	17550	26476		
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	2.87E-01	1.25	934	17	15	24	6h	6h	2280904	2361021	2391100	2047516	2457125	2122816	2472673	2181458	2065126	2450372	2038073	1966036	2200144	2601832	2212001	2387118	2248280	1835435	3028394	2798605	2219887		
AT4G36220.1	AtRH - nuclear DExH/D RNA helicase 1	2.87E-01	2.28	88	2		2	2h	0h	5195	7510	5547	10049	8642	10962	14859	7068	11537	5720	5879	9689	10733	7079	10570	11064	4184	12499	4505	6144	12764		
AT3G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	2.88E-01	3.68	342	5		1	6h	0h	7769	12363	21815	7482	5028	5624	11201	6414	2729	2454	8951	0	8743	9681	7198	5915	12633	10802	13638	9029	6000		
AT4G28600.1	GOS5-like Lysine/Acylhydrolase superfamily protein	2.89E-01	3.53	41	1		1	24h	0h	2276	4069	3242	12018	2638	6254	8394	2278	0	16073	9908	9217	7630	7108	14240	10268	3131	9239	18668	8705	6454		
AT4G22410.1	Class-I tRNA synthetase family protein	2.90E-01	3.06	153	2		1	10h	10h	11870	17020	52090	60098	18551	17100	67351	19947	27411	47053	27355	26250	54789	65746	34898	68079	39660	140178	63537	49924	25214		
AT5G54940.1 ATG54290.1	Translation initiation factor SUI1 family protein	2.90E-01	2.55	29	1		1	0h	0h	2111	3248	7406	13750	1961	1212	11809	8156	5874	10026	9811	8993	11279	2967	7256	6535	11963	14081	7967	3212	9351		
AT2G04450.1	ATNUDT6, NUDX6, ATNUDX6, NUDT6 - nudix hydrolase homolog 6	2.90E-01	1.57	88	3		2	0h	2h	45233	37064	51544	24782	31162	28895	37765	30655	33572	32742	39654	34583	48009	56412	25914	57253	41332	34680	44921	26124	34300		
AT3G27860.1	Kunitz family trypsin and protease inhibitor protein	2.91E-01	1.43	207	3		3	6h	4h	120429	162883	103288	75206	129358	94155	86933	103875	96878	96255	119258	84799	150426	133269	83117	123978	117664	131465	142800	138473			
AT3G01250.1 ATG01250.2	Ribosomal protein L30/L7 family protein	2.91E-01	2.06	199	5		3	24h	4h	203697	151711	331027	243054	215278	131518	636725	185704	370484	248060	155992	173801	291932	229009	284315	261223	301131	285258	197782	197591	238305		
AT5G53550.1	YSL3, ATYSL3 - YELLOW STRIPE like 3	2.92E-01	3.26	27	1		1	4h	24h	8074	6242	2595	5491	6657	6770	14682	3217	1933	6191	1720	2599	1497	4014	5430	4176	4809	4810	1192	1160	3735		
AT5G57520.1	Encodes a defensin-like (DEFL) family protein	2.92E-01	2.59	51	1		1	24h	6h	26474	28855	44731	46764	40519	21612	58302	45388	40308	25374	44863	24153	41128	8181	37977	22266	56320	56291	12612	19249	23797		
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	2.93E-01	1.29	511	10	10	0	6h	6h	1721048	1478718	1656542	1835404	1993619	2272251	1879117	1582685	1980523	1712628	1335217	1698411	2114688	1744050	1755944	2201696	1460755	1721748	1572039	1812267	1817137		
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	2.93E-01	1.27	247	7		5	4h	24h	334244	342630	413357	416693	370921	345517	443466	362839	416159	401896	332864	385607	385805	312899	400019	422827	443661	345857	317768	272187	376884		
AT3G50620.1	ATNUDX26, NUDX26 - nudix hydrolase homolog 26	2.94E-01	1.71	29	1		1	6h	0h	369250	387051	163819	103288	150252	118024	193647	492834	389516	364198	314320	408582	429317	296237	316355	421042	422913	364218	386027	458077	318841		
AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e family protein	2.94E-01	1.51	46	1		1	10h	24h	141672	279768	111749	176003	152057	185904	208073	140707	273364	132313	157224	150784	177565	200288	215645	219920	233621	190536	122934	151586	152756		
AT4G36760.1	ATPAP17, ATPAP17-1 - purple acid phosphatase 17	2.94E-01	1.47	254	6		6	24h	2h	176913	238494	157713	186575	157004	136342	209835	173793	183193	154875	125543	176989	182724	192585	194349	184883	156405	202304	210073	173912		
AT3G16510.1	Alpha-/L-glucan-protein synthase family protein	2.95E-01	2.19	29	1		1	24h	10h	15864	19352	18399	7539	18834	15657	17460	17546	1315	16156	15877	5896	18983	22989	23741	9939	14402	11440	21707	27702	23531		
AT3G46750.1	AGD9 - ARF-GAP domain 9	2.96E-01	1.38	23	1		1	6h	6h	65081	87780	88912	77889	91527	93443	71470	101059	105822	77403	71707	72489	93681	73451	71033	84263	101388	85141	108853	118950	78276		
AT5G42960.1	Transducin family protein	2.96E-01	2.12	843	11		6	6h	0h	84172	78899	22924	74389	107552	116060	61485	82460	62034	84840	97875	120739	97700	74232	75431	65773	72501	80108	99213	169853	114306		
AT4G31980.1	Glycosyl hydrolase family 38 protein	2.98E-01	1.41	203	6		6	24h	4h	246299	280065	271216	278696	346974	236313	353390	215125	266933	195869	268956	233819	201896	217949	281249	199736	258779	285404	225588	173787	212701		
AT4G34310.1 ATG34310.2 ATG34310.3 ATG3	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	2.98E-01	1.28	1695	21	16	24	24h	4h	9530878	10312457	9802291	8282727	8688419	10187013	8030530	8518876	9706280	9099525	8639175	9982483	8234509	11356029	10504979	9905335	9522669	9344870	13619256	9421616	10470813		
AT3G47910.1 ATG47910.3	ADP-glucose pyrophosphorylase family protein	2.98E-01	1.29	81	2		2	10h	0h	35982	33938	38910	34633	41331	31299	37729	22842	37729	24580	31304	23821	39367	38969	34222	33581	23648	30415	35317	37837	36793		
AT4G10370.1	GSTI0, ATGSTU7, GSTU30, ERD9 - Glutathione S-transferase family protein	2.99E-01	1.33	202	5		5	6h	0h	1101713	837755	632350	1220908	926153	934918	1085207	1102850	1145345	1174340	1025279	1230161	1074103	945743	1053122	1285015	956578	1021970	1219935	916669	997268		
AT3G06050.1	PMI1F, ATPMI1F - peroxidase 1F	2.99E-01	1.21	375	8		8	24h	2h	1126075	1303927	1303372	1314713	1321945	993105	1664016	1308409	1422548	1445561	1421777	1386465	1440833	1417279	1188603	1275880	1387806	1300682	1478926	1200493	1252104		
AT4G34300.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.00E-01	1.87	34	1		1	6h	0h	19762	9725	15295	17056	14342	20935	17279	18675	17706	14219	17740	7635	21625	17755	18204	14219	15357	14796	14393	8175	13914	15545	14048	11502	22429	26193	16179		
AT3G57780.1 AT4G11270.1	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - 8P non-ATPase subunit 8A	3.00E-01	1.38	111	3		3	2h	0h	81167	58345	40143	65432	78927	103356	77413	68232	64678	68230	77650	70197	60485	62805	71868	88430	68462	85626	86336	70836	85018		
AT2G22130.1	ATPAR2, AVH1, AVH-1, ATAVH1, NAB2A, NA-S - NA+S	3.00E-01	1.31	53	2		2	6h	0h	11016	8436	7462	7465	8805	3750	7411	10784	6349	5816	25592	10226	6148	7221	7824	6185	18934	11410	9340	9700			
AT3G53630.1	GS2, GLN2, ATGLS1 - glutamine synthetase 2	3.01E-01	1.21	3401	39	34	2	6h	6h	103986272	101617847	83606186	101894044	123237836	111296660	104767629	106584884	104835555	92953584	97730324

ATG2B8040.1	CAC3 - acetyl-Co enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	3.23E-01	1.36	313	5	5	6h	24h	201832	310021	288225	395446	254632	255146	353607	291316	302628	288504	285350	365812	330103	298890	335877	296553	262609	380681	291987	194976	220334
ATG4G9970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	3.23E-01	1.40	217	3	3	6h	10h	83229	84580	113387	85872	87215	74842	75846	93963	73449	111612	117224	66232	73459	78730	72823	63996	77682	69430	104439	81650	74842
ATG4G8830.1	ATAMY1, AMY3 - alpha-amylase like 3	3.25E-01	1.29	596	14	6	6h	0h	917310	1133144	1710754	1598127	1434272	1286938	1597300	1341925	1364163	1510143	1503495	1853316	1474088	1290559	1427973	1452965	1400158	1553207	1213422	1158071	1403879
ATG4G8820.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.25E-01	49.50	27	1	1	24h	0h	0	0	586	0	114	927	1453	0	0	0	608	0	0	0	1508	0	2463	0	18127	4435	6459
ATG3G22231.1	PCC1 - pathogen and circadian controlled 1	3.26E-01	33.93	63	1	1	10h	0h	0	2242	2319	6057	6645	0	3561	5171	2997	17948	11949	19185	6190	8901	0	53206	34866	66669	2652	8528	13405
ATMG02860.1	FAD-binding Berberine family protein	3.26E-01	21.73	61	1	1	24h	24h	1839	0	3165	0	1315	0	950	0	4508	3923	2652	2555	4526	0	1064	731	1928	1006	11905	8264	4068
ATG4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	3.27E-01	1.27	665	8	8	6h	0h	372626	479997	396915	506247	459138	392536	642685	482735	443173	492077	375996	438197	563264	435317	416343	604663	441941	479299	544786	527532	519609
ATG2G27880.1	AGO5 - Argonaute family protein	3.28E-01	6.41	22	1	1	2h	24h	8710	15233	3615	3501	12320	1325	1616	6199	0	2989	17761	3608	3344	6838	8879	3106	15869	5170	2474	0	1827
ATG2G29080.1	fruh3 - FTSH protease 3	3.28E-01	1.45	26	1	1	24h	24h	40309	42350	57809	48785	52993	50915	32555	55018	47064	39816	35392	36657	46596	37897	48005	25199	38742	44724	30403	27965	46585
ATG3G88110.1/ATG3G88110.4	ATRBP4/FBL, RBP4/18 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.28E-01	1.22	224	4	4	24h	8h	609231	689140	571056	509166	699350	540792	574539	568579	607090	601000	674148	655450	473550	539767	571874	564182	643893	590909	597123	512662	620850
ATG3G16810.1/ATG3G16550.2	ATRBP4/FBL, RBP4/18 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.28E-01	1.65	54	1	1	2h	4h	21841	12703	17579	20519	27554	24574	15484	13947	14938	17787	23029	19301	16006	17602	13344	11718	13767	23431	20230	15714	13714
ATG4G20230.1	ATBCB, BCB, SAG14 - blue-copper-binding protein	3.28E-01	1.76	185	2	2	24h	2h	638986	608419	357085	198887	522259	276083	282719	334142	432416	429586	468182	299043	475146	548899	387035	466037	528315	262153	753315	646234	358021
ATG3G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	3.29E-01	1.85	68	3	2	6h	24h	22466	23443	14009	24388	11272	8366	26606	12388	20229	31490	16269	13111	22435	16232	19301	14566	14050	14547	11399	5312	16157
ATG4G31530.1/ATMG31530.2	NADP/glutredoxin flavoumin-fold superfamily protein	3.30E-01	1.38	198	3	3	2h	10h	122823	126775	170941	118126	151022	165795	139678	127832	104609	112811	104165	142715	100725	123105	124006	100859	87526	127008	119308	152408	104188
ATG4G20200.1/ATG75990.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	3.31E-01	1.69	125	4	4	10h	8h	58576	66581	102775	107308	59903	58634	97943	81856	68098	88671	72007	69552	73620	56572	56600	121311	99210	94638	114216	56889	77209
ATG2G27740.1/ATG27740.2	CARA - carbamoyl-phosphate synthetase A	3.31E-01	1.31	160	4	4	6h	24h	275347	273045	161600	145644	275632	238609	315304	304733	278160	365566	249759	369873	320113	300396	295282	322876	323149	261830	243820	250471	259016
ATG1G34980.1	CPN10 - chaperonin 10	3.32E-01	1.22	158	5	5	2h	2h	544618	514429	761557	605561	570308	580635	563042	585115	789778	750284	708207	794168	668808	582788	590418	663723	751351	722645	665860	681806	580707
ATG3G06610.1	DNA-binding enhancer protein-related	3.32E-01	2.43	63	1	1	6h	10h	15987	6254	19033	11088	22224	8661	31596	13691	37781	12201	9613	18660	10594	6871	16699	12785	11825	19296	20912	13315	16897
ATG3G99901.1	MAP28 - methionine aminopeptidase 2B	3.32E-01	1.48	186	3	3	6h	8h	83593	88388	65508	103173	107572	67619	140468	80126	113921	77420	69694	78390	75691	91910	129654	104614	101529	91270	101170	97726	76773
ATG75950.1	SIP1, AOK1, ATSIP1, SIP7A, UIP1 - 5-phase kinase-associated protein 1	3.32E-01	1.61	164	5	4	6h	2h	38460	90415	119832	85515	83831	54854	89866	115427	120540	127740	111343	90196	134016	114862	102757	106101	108694	91344	119800	121917	92910
ATG3G57655.2	xylose isomerase family protein	3.32E-01	1.63	164	5	4	6h	4h	242445	156981	129711	72782	127349	161592	89375	97866	137151	131573	122485	121304	121173	129543	146835	142537	154995	116774	181050	112088	162736
ATG4G33860.1	UVR8 - Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	3.33E-01	1.21	203	3	3	6h	4h	255456	283649	318804	222764	252311	210745	240461	260959	240047	247036	243162	304951	265315	241818	252162	257471	214489	287617	
ATG5G28370.2	AAGA1, AAGA2 - alpha-agglutinin/adhesin 2	3.33E-01	1.52	82	2	2	10h	10h	50393	49807	69782	52545	69701	53117	43734	53177	51455	44550	33163	53614	62490	48437	57126	45993	42802	18518	23768	52814	33597
ATG4G17830.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	3.33E-01	1.51	260	5	5	4h	24h	481560	386247	295538	232212	492288	363890	495908	413652	402750	347336	354124	320198	390540	503225	404829	410213	374979	368542	666750	496127	383561
ATG2G29461.1	TRI1, TRI-1, TRI1 - trisporic acid biosynthesis protein, putative	3.33E-01	1.58	91	2	2	10h	24h	20709	30288	16033	46950	27426	21335	39832	30616	25851	23845	22780	22752	35919	20666	30330	35370	32266	34481	38138	17203	29159
ATG2G35840.1	Sucrose-6F-phosphate phosphohydrolase family protein	3.34E-01	2.10	111	4	3	24h	24h	33379	33557	35187	42564	46380	37634	31206	92918	58380	28667	45995	47337	58673	53515	80879	85940	68541	44595	36124	36512	36124
ATG3G20280.1	Ribosomal protein S19e family protein	3.34E-01	3.43	100	2	1	4h	2h	25867	37703	108331	60037	6308	17277	141217	23698	121977	60372	33362	36240	63827	36470	46301	62135	79605	53959	52239	6009	36009
ATG4G44790.1	ChaC-like family protein	3.34E-01	1.68	123	1	1	10h	0h	10770	10502	3568	11993	9206	9480	16624	12021	12152	9815	14030	8497	15285	7965	14896	15910	11600	14101	8563	12667	14268
ATG4G30810.1	sqe2b - serine carboxypeptidase-like 29	3.34E-01	1.47	27	1	1	2h	24h	2776	3054	3016	2494	2962	2683	2204	2973	4548	3228	3762	4288	3158	2536	2816	2633	3559	3039	2414	1983	3292
ATG4G31700.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	3.35E-01	1.38	211	4	3	6h	8h	78964	151780	141394	142771	123607	102860	114225	114533	79117	121223	118111	120503	82063	77343	116158	104687	137377	130976	107751	83896	106762
ATG5G26100.1	AIM25, MC9 - methionine cleavage 9	3.37E-01	2.77	25	1	1	6h	2h	5922	4128	12872	9487	20994	17623	13488	15466	15425	10809	124	6414	12921	8352	3610	6941	9641	17837	4381	4273	16483
ATG3G55330.1	PPL1 - Psb-P-like protein 1	3.38E-01	1.26	812	10	10	0h	10h	3792039	3463703	2687375	2345972	3296645	3450576	3074706	3240573	3391103	2991543	3298228	3115245	2989077	2950489	2881119	2556149	2887601	2423389	2895252	3320046	2998021
ATG2G50320.1	ATHX, ATX, THX - thioredoxin X	3.39E-01	1.84	56	1	1	4h	24h	94101	150701	197294	81412	136186	162419	167893	107821	266401	139346	133918	146994	129492	123139	75913	157285	104914	115571	88591	111123	84815
ATG4G42020.1/ATG42020.2	BIP, BIP2 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	3.39E-01	1.48	1160	15	15	6h	4h	162252	120977	116394	75174	135568	126599	169787	144792	125126	136428	95316	125805	167475	152979	116708	105270	143402	137152	137756	146296	135727
ATG3G56070.1	RDC2 - rotamase cyclophilin 2	3.39E-01	1.52	193	4	3	24h	2h	87314	114209	130700	78973	124269	63048	103655	108024	124543	119882	112276	108650	120435	104046	107112	111546	141823	81904	116409	142025	105442
ATG4G29170.1	ATSUB8, SUBP - subtilisin-like protease 8	3.40E-01	1.54	168	3	3	6h	8h	103130	99578	41695	71018	102710	113857	100349	108012	105582	77883	87794	77422	86150	107531	98676	95469	92006	86563	83543	102269	101332
ATG5G29290.2/ATG5G29290.1	UXS3, ATUXS3 - UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	3.40E-01	1.45	379	8	2	6h	24h	27574	25266	25787	27464	24952	18502	26076	22977	31568	46940	28024	26283	29378	30001	22632	27239	38484	26345	27417	20029	22457
ATG2G99430.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.40E-01	2.06	31	1	1	6h	10h	5266	8308	1585	10313	10776	4508	5156	8538	5000	6635	17066	13280	9199	8268	12418	6038	6916	12472	9397	9551	2399	7207
ATG3G19360.1	AIG1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.40E-01	1.74	324	6	6	24h	24h	147803	158543	132333	147902	169951	110627	168472	169817	179271	214901	150623	159068	226200	169350	157723	222026	90361	140723	322927	204500	215813
ATG5G29050.1/ATG5G29050.3	FUM2 - FUMARASE 2	3.40E-01	1.48	661	12	3	6h	6h	101996	161665	207765	164511	164154	150522	170853	148616	129087	277311	133764	108304	227571	209046	254288	231394	213806	218522	227846	138561	141342	221785
ATG3G22200.1	TAK3 - Dihydrofolipoamide acetyltransferase, long form protein	3.41E-01	2.75	247	5	5	24h	2h	22761	33602	51412	3029	23318	12782	6187	23755	49777	34940	23565	33855	21053	14634	28733	20930	32952	23119	34754	26700	13757
ATG2G25320.1/ATG25520.2	ATCLS, FDP1, SHL5 - chloroplast lumenal protein 15	3.42E-01	3.22	92	2	2	6h	2h	5809	1376	45461	26737	5750	3143	17969	17909	9452	35248	27066	17909	44527	23921	6647	12814	39785	24535	32307	27962	20625	16057	21508	12530	42268
ATG3G55940.1	Phosphoinositide-specific phospholipase C family protein	3.42E-01	49.51	22	1	1	6h	24h	57740	0	4576	1195	34257	39883	1557	1452	9493	3541	7097	0	1513	8065	2359	0	0	0	16815	1524	0	0
ATG5G14760.2/ATG5G14740.1/ATG14740.3	CAC, CA1B, BETA-CA2 - carbonic anhydrase 2	3.43E-01	1.15	2701	132	19	2h	2h	24683182	21803667	26730154	26873075	23459372	32966645	34305076	30747076	32405733	33911103	29915543	32982228	31115245	29890977	29504989	28811119	25566149	28876021	24233895	28952252	33270640	29980221
ATG4G35350.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.43E-01	1.35	127	3	3	24h	6h	47305	45035	45035	50500	53910	33614	51345	45340	33262	47386	38777	35763	38562	30204	36422	58560	40619	42353	66196	51154	49705
ATG4G80380.2/ATG80380.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.44E-01	1.22	906	13	13	10h	10h	4867178	5324143	4765241	5195557	5381008	5758631	4756001	5661791	4468113	4755743	5289276	5306777	5381948	5123923	4997003	4999571	3918019	4435674	4049003	5565612	5088944
ATG3G89820.1/ATGG89820.2	CAC, CA1B, BETA-CA2 - carbonic anhydrase 2	3.43E-01	1.15	2701	132	19	2h	2h	24683182	21803667	26730154	26873075	23459372	32966645	34305076	30747076	32405733	33911103	29915543	32982228	31115245	29890977	29504989	28811119	25566149	28876021	24233895	28952252	33270640	29980221
ATG5G27670.1	FAB1, KAS2, KCS2 - 3-ketoacyl-CoA synthase 2	3.45E-01	2.46	37	1	1	6h	24h	12304	2269	24624	28176	9658	5788	24833	6798	39543	20561	8268	9065	22754	3369	21487	29005	29332	24135	25910	585	9220
ATG2G27710.1/ATG27710.4	60S acidic ribosomal protein family	3.45E-01	2.78	412	7	4	6h	6h	35063	49995	225275	77695	92809	225716	263585	72637	217162	88040	49896	60809	221756	142953	128788	103734	53614	128232	56372	76323	123217
ATG3G14310.1/ATG53830.1	ATSBT4.14, ATSBT4.4 - subtilase 4.14	3.45E-01	1.25	891	14	9	10h	10h	2064858	1781562	2418859	1833936	2028332	2378149	2274503	2088028	2058065	2480376	2050314	1759363	2168727	2087939	1577274	1883012	1818476	2284677	2039377	2063799	
ATG4G09750.1	RPS11 - ribosomal protein S11 family protein	3.45E-01	1.48	197	3	3	24h	6h	87314	114209	130700	78973	124269	63048	103655	108024	124543	119882	112276	108650	120435	104046	107112	111546	141823	81904	116409	142025	105442
ATG4G45145.1	ATTRX5, ATHS, LVI1, TRX5 - thioredoxin H-type 5	3.46E-01	1.47	217	3	3	6h	6h	146707	151497	86135	12806	85846	520822	88883	76588	53351	83137	73608	41784	69411	85957	80593	101387	58765	86271	298006	367242	161660
ATG3G18230.1	ARPH2, PH2 - pantothenate kinase 2	3.46E-01	1.48	201	5	4	6h	6h	90193	122060	71752	109527	107124	115451	107949	161897	151059	104360	131859	137442	111464	95063	116374	110987	107905	104081	96831	137152	110310
ATG2G28020.1/ATG28020.5	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.47E-01	1.28	127	3	2	24h	6h	174971	165926	167877	130064	164079	127261	135157	135451	198418	143696	108005	147803	142104	195845	172686	161008	136409	111377	152730	153014	140771
ATG2G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGRX3, GRX3 - germin 3	3.48E-01	1.45	434	4	4	4h	4h	3980052	3585312	4306674	3622261	4589715	3819922	5256728	3223167	4878694	4007918	3419546	3764899	3736166	3582164	3225549	2082346	4277451	3773129	2359582	3570334	3304236
ATG1G72401.1	mtd1/IQ1 - methylene dehydrogenase 2	3.48E-01	1.35	822	14	4	24h	24h	191084	225303	231416	242402	204139	170969	219805	210569	241521	222610	150659	208305	251763	245647	215105	255201	268873	208705	184509	222822	229618
ATG4G29520.1	unknown protein	3.48E-01	1.79	25	1	1	6h	24h	76407	216007	89630	89347	104368	67015	88480	88308	134456	71415	134220	66756	113315	130753	96691	111091	134917	113068	54466	72261	86305
ATG2G29880.1/ATG64740.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	3.48E-01	1.16	700	16	16	6h	6h	1412686	1634949	1599667	1596635	1724352	1661820	1708906	1583358	1467178	1790924	1866281	1736299	1561213	1722575	1442103	1598978	1904494	1578211	1747048	1638864	1473992
ATG5G28800.2	ASP4 - aspartic proteinase 4	3.49E-01	2.21	58	2	2	6h	6h	124155	86320	112077	21361	74774	114834	27348	52601	119516	53855	56711	74894	39350	54661	48121	86365	110463	88700	61952	77907	54096
ATG64941.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	3.50E-01	1.45	283	6	5	4h	6h	100940	134474	97161	131127	97361	103018	183872	114590	139412	117935	71248	112517	91264	103418	134738	119653	106968	102378	94662	113637	103454
ATG3G30420.1	RING/U-box superfamily protein	3.50E-01	1.70	29	1	1	24h	24h	102313	103917	106755	123843	93685	46235	92343	63027	103449	94020	92301	115562	98986	57973	96687	81214	101642	100151	91371	91393	95024
ATG2G27700.1	zinc finger (CCCH-type) family protein; mRNA-regulation motif (RRM)-containing protein	3.51E-01	2.58	41	1	1	6h	10h	62656	34137	58855	31620	54179	46801	21884	138440	58036	100979	31270	51507	95971	97625	75749	28117	28556	47815	53159	53905	58333
ATG3G16890.2/ATG16890.1	UBC36, UBC38 - ubiquitin-conjugating enzyme 36	3.51E-01	1.82	178	3	2	24h	24h	34751	41245	49377	51874	29669	14291	40306	45458	29577	41367	27286	49681	37468	29660	37012	29929	68572	58892	68012	67129	39118
ATG1G39380.1	transducin/protein- like 3 superfamily protein; in 4 species: Archae - D. Bacteria - D. Metazoa - D. Funal - D. Plants	3.52E-01	1.60	2696	1496	2563	1977	2521	2300	1671	1491	1651	613	1632	1897	1236	1686	1698	832	1551	2667	2572	1451	2858
ATG1G71530.1/ATG46060.1/ATG47200.1	RAB3C, ATRAB3C, ATRAB3Z - RAB GTPase homolog 1C	3.52E-01	2.58	129	3	2	24h	2h	32419	46638	48410	41127	31767	33469	53233	52517	26433	51750	40346	40163	47245	37838	47162	45351	57720	38207	68099	50872	51357
ATG5G20890.1	CTP; 1Cys6D cleavage protein 1 family	3.52E-01	1.58	270	5	5	8h	0h	204126	185082	131108	262566	221815	259601	261121	218011	280544	237665	166651	227249	321407	162302	139846	231000	217130	233935	199388	379670	225760
ATG5G24770.1	Single hybrid motif family protein	3.52E-01	1.24	671	9	2	4h	2h	10067036	8889816	12368821	9800078	9540509	8802128	10545981	11222241	13125164	11495993	9889448	12388545	12558819	10183079	9831260	8992877	10664638	9288766	9221582	11750885	8559659
ATG4G60000.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.53E-01	11.12	90	1	1	6h	6h	8002	7552	14428	19939	19281	23439	18409	4038	8438	0	3253	2380	2784	14251	4756	11566	8289	21060	0	12065	12049
ATG4G43880.1	Protein of unknown function (DUF1741)	3.54E-01	1.54	22	1	1	8h	4h	82153	59839	60803	53084	46004	76517	20890	67228	53968	56522	62842	73673	67078	68099	83101	63325	57864	63744	53817	71505	52740
ATG2G50000.1/ATG51990.1	AAA-type ATPase family protein	3.54E-01	1.68	208	4	3	24h	6h	38460	97013	142442	114752	146653	125811	293733	94437	164051	137010	61398	129552	138535	168116	119688	190394	177149	159435	205260	141109	116095
ATG3G13860.1	HSP60-3A - heat shock protein 60-3A	3.54E-01	1.64	167	3	3	24h	10h	10183	16040	15014	18276	14373	5654	20500	16460	10917	22017	23540	12142	14777	13560	10922	22072	13874	22404	27026	19093	16530
ATG5G44460.1/ATG56440.1	Phosphosynthase mutase family protein	3.55E-01	1.34	291	5	5	2h	24h	354023	265538	375593	418984	403998	428557	348282	323489	376740	351756	281502	367879	410860	296869	392194	424695	257634	295667	272781	327113	335246
ATG5G56001.1	AFR181, FER3 - ferric reductase 3	3.55E-01	1.94	152	4	4	2h	24h	249168	262241	123377	107103	171883	127218	128730	127753	144917	114590	115622	115159	139764	146994	127258	136403	142886	148181	185719	283113	308567
ATG2G22830.1	SQE2 - squalene epoxidase 2	3.56E-01	2.00	20	1	1	2h	24h	137953	128849	191731	152098	185204	152131	140936	161727	119801	86235	156979	112882	164272	89056	161690	131809	88061	138727	72276	91329	80883
ATG5G40470.1/ATG64770.2	NDH2, NDH-2 - NDH-dependent cyclic electron flow 1	3.57E-01	2.19	135	2	2	6h	6h	75775	52924	52663	71382	128880	82108	88384	66429	173954	84105	113706	82714	134605	90899	76756	92866	126540	104427	
ATG62740.1/ATG54190.1/ATG54190.2	PDR8 - protochlorophyllide oxidoreductase B	3.57E-01	1.62	301	7	7	2h	4h	291462	311576	413541	417072	296745	455313	298349	316031	322241	318260	235985	393351	304268	190592	317596	222109	176512	389346	220004	312862	209443
ATG2G35780.1	sqe2b - serine carboxypeptidase-like 26	3.57E-01	1.44	74	2	2	6h	10h	30737	59758	48886	46726	24586	29995	41814	49884	36110	37198	26468	36818	38776	41419	43065	43869	60084	38329	43887	39735	37520
ATG5G52301.1	ATNAP65-1, NAP65-1 - nucleosome assembly protein 65-1	3.57E-01	1.94	37	1	1	6h	24h	9438	20584	29156	23469	24138	22795	35189	17079	47168	22629	16878	25126	18820	24654	24818	23118	21209	19964	17077	18252	15946
ATG2G23100.1/ATG23100.2	PMI1, PAD2, GSH1, CAD2, ATEC51, GSHA - glutamate-cysteine ligase	3.57E-01	1.30	837	14	13	4h	0h	3218701	2762904	3815005	3022801	3127233	3286349	4323817	2978522	2852821	2674342	2976258	2761002	2726192	3207196	2750808	2686499	2667773	2633695	2934798	3318233	2876505
ATG2G31750.1	UGT76D1 - UDP-glucosyl transferase 76D1	3.58E-01	1.38	95	2	2	2h	0h	359316	261934	264206	479183	433600	311471	475463	340907	339233	335355	343188	299471	377688	304598	376851	305549	307314	400819	373113	262071	344269
ATG5G57810.1	ATBCAT-6 - branched-chain amino acid aminotransferase 5 / branched-chain amino acid transaminase 5 (BCAT5)	3.59E-01	1.21	129	3	3	10h	10h	30724	30024	37086	30781	33737	33886	34464	29606	30981	36720	30999	35594	31673	31025	25217	31746	38264	30093	31186	26213	25468
ATG4G30160.1	VLN4, ATVLN4 - villin 4	3.59E-01	1.69	304	7	4	24h	8h	28467	44181	41637	43125	27227	32743	38892	36661	55877	36208	37366	49574	39817	24320	25642	42106	48943	46027	62040	26582	63128
ATG3G29250.1	UGP, UGP1, AtUGP1 - UDP-GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1	3.59E-01	1.17	1422	23	7	10h	24h	1811602	1719654	1771816	2177302	1503042	1735457	1681608	1605751	1819821	1834410	1957832	1986615	1804395	1800179	1753789	1995254	2047752	1843123	1840242	1425356	1751293
ATG4G29460.2	DSG2P2 - 2-deoxyglucose-6-phosphate phosphatase 2	3.60E-01	1.23	397	9	9	6h	6h	693031	612209	579334	761786	695649	567218	678654	642018	678664	704859	578082	620418	602147	584629	578209	591110	693314	570743	561085	585787	579799
ATG4G46000.1	ATG12-interacting protein 2	3.60E-01	1.55	207	3	3	10h	10h	121179	80950	112748	73322	141508	100803	97367	63852	81884	127073	85874	93393	100315	75847	128193	134581	114332	84231	143832	94415	
ATG1G16350.1/ATG79470.1	ATGSTU27, GSTU27 - glutathione S-transferase tau 27	3.60E-01	1.26	1120	116	12	10h	10h	127318	96097	135258	126466	150549	140715	128192	108711	112812	157704	130215	128209	125462	139277	131940	116892	96727	131526	144861	116206	135360
ATG3G88690.1/ATG27960.2/ATG27960.3	UBC31, ATUBC31 - ubiquitin-conjugating enzyme 31	3.61E-01	13.50	147	3	3	10h	10h	2182	1071	0	1

ATG17620.1	Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family	4.57E-01	2.19	26	1	4	6h	24h	42092	40731	57312	166308	41015	29804	142399	54838	101266	109103	66753	76039	101289	16267	77932	71934	84816	136076	29584	14847	91654
AHG94020.1	FIB - fibrillin	4.57E-01	1.51	345	5	4	6h	24h	108613	157505	298385	172027	160157	177189	183734	187247	251376	192321	211229	230074	167413	145167	235984	182729	169178	232307	144549	126117	150587
ATG15340.2,ATG15340.1	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	4.58E-01	2.71	149	2	2	0h	4h	67411	100150	28404	14194	54459	15665	11004	44510	16716	27680	91027	42197	15873	77152	42287	18984	84003	42254	35380	25956	25235
ATG48860.1,ATG48860.2	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolase/RNA-binding 3	4.58E-01	1.14	648	10	4	6h	24h	182256	174008	205540	223060	202297	174367	183867	183431	189963	215456	192196	174497	181493	190259	175454	211862	202891	182727	186836	155245	182463
ATG06870.1	PGI/PZ, ATHGPI2 - polygalacturonase inhibiting protein 2	4.59E-01	6.01	65	2	2	24h	10h	10947	23221	6641	6182	2338	6203	538	5640	5893	5590	2403	6460	3492	16759	10742	2512	4540	4721	50406	1361	19924
ATG75270.1	DHAR2 - dehydroascorbate reductase 2	4.59E-01	1.47	253	5	4	24h	0h	74980	80804	112003	70187	115219	104659	99934	96644	153815	109962	105976	111296	76941	124165	95934	121238	92977	97150	158381	140976	94278
ATG06770.2,ATG06770.1	DIR1 - DIR1BA-interacting protein 1	4.61E-01	1.92	27	1	1	4h	8h	5569	7878	7601	9498	5842	4826	9413	7882	6041	5596	8475	3280	2069	3873	6217	4388	10391	6166	9143	3224	6778
ATG16570.1	ATPIRMT7, PRMT7 - protein arginine methyltransferase 7	4.61E-01	1.39	59	2	1	4h	8h	13199	8041	11970	10130	7436	10169	15618	10445	9227	9412	9312	7829	7191	8285	9986	8090	8627	11314	9246	8975	11133
ATAG39200.1,ATG16360.1	Ribosomal protein S25 family protein	4.62E-01	1.58	199	3	3	2h	24h	228387	268562	499040	362266	252456	421961	241786	296919	460090	373459	284424	240317	275231	319145	280959	295177	270748	324643	202892	253853	192747
ATG21160.3	Ribosomal protein L4/L1 family	4.63E-01	1.44	31	1	1	6h	8h	102561	140772	174531	54078	142909	116628	160265	66262	138440	110628	160245	137388	150881	105226	123280	82900	138336	154398	96986	100002	110284	123160
ATG45930.1	Scorpion toxin-like knottin superfamily protein	4.64E-01	2.04	55	1	1	24h	4h	10415	9066	12497	14015	11601	64325	17884	35476	36862	23525	19869	64124	20193	12393	17655	16569	22318	34879	43606	37342	62223
ATG25230.1,ATG25230.2	ROF1, ATFKBP62, FKBP62 - rotamase FKBP 1	4.64E-01	1.48	334	7	7	2h	0h	310742	273710	174246	293109	424083	405777	253042	375732	207540	278081	378159	304728	336458	268550	378385	249295	302095	381159	249277	366879	391184
ATG20520.1	GPR7, GF14 NU - general regulatory factor 7	4.64E-01	1.27	978	15	3	24h	4h	205906	265813	253472	203406	288920	187756	257263	207398	186162	241027	217301	209656	217982	249176	210433	264305	232169	214840	315195	270302	242446
ATG45010.1,ATG45000.1	RPT4A - regulatory particle triple-A ATPase 4A	4.65E-01	1.27	241	5	4	6h	24h	109127	83886	206994	170218	119598	114296	116139	114664	190702	135411	76330	141815	160187	139485	119962	184582	182710	179976	283444	131974	139065
ATG23310.1,ATG23310.2	GGT1, ADAT1, GGAT1 - glutamate/glyoxylate aminotransferase	4.66E-01	1.10	3282	42	25	6h	0h	16173933	15186849	13282273	14957260	15515899	16563070	16457884	17445717	15331893	15605917	15799831	17881498	15302763	15266440	16244117	15455975	15370785	15328181	14521208	16281289	15487513
ATG50380.1	Prolyl oligopeptidase family protein	4.66E-01	1.17	201	4	4	0h	4h	217894	263745	247908	212826	217803	193951	236131	215830	225912	211252	217778	236014	201169	230316	249131	182177	243097	223815	212656
ATG27950.1	LTPG1 - glycosylphosphatidylinositol-anchored lipid protein transfer 1	4.66E-01	1.28	92	2	2	24h	0h	194515	146279	155407	161883	132606	157431	115174	124600	162801	166668	128122	111810	116743	163094	134320	128398	128414	152042	115750	138740	132224
ATG52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	4.69E-01	5.26	92	2	2	6h	4h	8335	44708	21208	8901	29582	9804	10747	6622	7608	6141	81822	43322	10547	61500	30979	19277	16134	35476	39813	12486	42246
ATG26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.71E-01	1.70	77	1	1	0h	6h	49309	108499	163411	154701	170447	118091	276291	92366	161147	176756	107169	90787	164929	103010	181382	182260	187288	176648	153052	105143	119714
ATG14320.1,ATG14320.2,ATG26910.1	SAC52, RPL10, RPL10A - Ribosomal protein L10p/L10e family protein	4.72E-01	1.48	243	5	2	6h	24h	92307	104710	201192	131716	118280	177822	203162	120168	119409	143130	75556	97372	188156	142682	119896	118898	172974	137188	115939	104546	127174
ATG17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	4.72E-01	1.56	109	3	2	8h	2h	7577	10639	13622	18668	6744	9475	9842	10089	13107	10355	8641	15895	11096	5153	7434	8573	11241	14078	6730	5611	9959
ATG20050.1,ATG76550.1	Phosphofructokinase family protein	4.73E-01	1.38	268	6	6	2h	0h	226421	163764	186588	299000	260766	224549	355398	146487	223439	226272	176126	207083	172403	211259	225196	253438	231426	259913	237519	151492	204853
ATG27870.1	PSBP6 - photosystem II subunit P-6	4.73E-01	1.44	102	2	2	6h	24h	809060	574976	286843	307832	608841	454542	406119	296815	519876	356005	366547	508466	517062	373114	540437	535437	520568	644871	520503	601399	487124
ATG26355.1	PNAS-1 related	4.74E-01	3.09	25	1	1	0h	2h	42714	33549	15364	163862	53500	65485	65673	87148	30325	33301	117972	82127	125808	28937	64264	93354	25644	72065	26246	45394	71299
ATG46380.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	4.74E-01	1.37	34	1	1	10h	6h	6258	2642	6876	7616	3799	3531	17956	1350	1534	4134	0	1748	4502	1208	4810	8765	6199	7993	3608	6022	
ATG21500.1	unknown protein: Has 29 Blast hits to 29 proteins in 12 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 2; Pl	4.75E-01	3.55	54	1	1	24h	8h	3892	3437	11897	4515	0	4632	2026	4066	5434	5993	2686	4751	2284	2542	1329	1612	3254	2525	8381	5320	8134
ATG13440.1,ATG13440.2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	4.75E-01	1.31	1902	28	2	10h	0h	4836293	4156826	1725457	4686712	4834176	4410498	5049709	4069396	4687847	4830972	3842153	4481113	3942358	4965931	4611921	4597434	5115726	4359663	4748646	4455083	4733314
ATG18200.2	nodulin MtN21 /EamA-like transporter family protein	4.76E-01	1.95	21	1	1	6h	0h	540479	594776	230514	1203020	618122	345158	1482717	657423	528596	481721	638704	589453	626627	537053	607125	682071	735513	689793	763442	649617	818809
ATG19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	4.76E-01	2.80	214	4	1	4h	10h	22665	5631	14312	10877	3370	5263	27797	20941	5069	3655	7126	16911	9907	18327	12660	7028	4355	7812	18389	4753	10228
ATG16710.1	DHAR3 - dehydroascorbate reductase 1	4.77E-01	1.15	888	13	13	0h	10h	5127138	5516011	5349011	3817024	5304798	5077399	4551124	5090846	5863782	5107538	5084761	5561577	4733610	4913230	5149628	4646993	4659507	4791576	4711172	5414632	4843906
ATG24400.1	HCF102 - ATP binding	4.78E-01	2.26	51	1	1	2h	24h	5845	19209	20223	28291	18849	16480	22548	16668	7422	12082	9627	10423	16113	13252	12402	14638	7772	27466	4765	14741	8385
ATG58710.1	ROC7 - rotamase CYP 7	4.78E-01	1.48	116	3	2	2h	0h	38286	45696	54998	71261	36168	22009	56532	45466	46668	62665	47219	54013	46218	43958	53852	63921	75728	52283	69706	61386	53381
ATG13350.1	NIG - NIP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	4.78E-01	1.60	167	2	1	24h	0h	34096	84166	73046	72755	71773	78394	58639	83545	93071	77338	39096	82313	95762	76085	97441	88858	70468	39982	76404	144144	84813
ATG54010.1	GOS5, Rer1A family - golgi SNARE 5	4.79E-01	2.87	128	3	3	6h	2h	24584	16821	11774	12436	7639	14673	19085	20290	10478	17283	8693	8603	23773	3689	20343	22647	18706	9389	17237	49078	16323
ATG50540.1	Zinc-ion like metallopeptidases family protein	4.79E-01	1.61	605	11	3	4h	2h	37386	70173	62987	59944	31262	36140	54421	66975	75610	30274	53264	59857	60125	82455	85747	76763	38946	75063	77090	49971	
ATG15265.1,ATG33430.1	plastid development protein DAG, putative	4.79E-01	1.94	42	2	1	10h	0h	18667	14090	4143	24687	20374	28286	21169	20607	20121	9805	28845	21088	20402	11143	17028	32894	12315	28308	9731	26031	25005
ATG21360.1,ATG17660.2	Ribosomal protein S19 family protein	4.80E-01	1.45	376	9	9	8h	24h	425187	439959	848093	560039	457157	720336	723376	378261	634906	609445	314538	415022	711070	629869	593165	586949	635973	511964	447631	470860	418473
AHG94230.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.80E-01	1.52	51	2	2	4h	6h	78651	61477	91924	102179	60812	63571	104625	71449	95626	82282	51318	88934	84796	56513	87114	70905	72106	59856	70912	45030	62986
ATG60065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	4.81E-01	2.28	99	3	3	6h	4h	114859	37929	44446	51311	50710	112405	121176	18711	75162	45329	35338	13802	36916	45923	62000	61494	66443	87902	50824	42941	60334
ATG05900.1	neurofilament protein-related	4.82E-01	2.19	585	10	10	0h	4h	472533	525778	146544	151748	186093	147702	84466	280422	147582	218237	592238	251136	220898	470490	347576	203679	518455	265055	327735	129257	193667
ATG56000.1,ATG56000.2	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily member translocase subunit Tim17/Tim22/Tim23 family protein	4.82E-01	2.56	25	1	1	0h	6h	64384	77107	3530	182086	78128	76878	200569	94305	62244	71779	98041	159222	93174	59595	90318	106845	72949	84009	31542	116517	112368
ATG15840.5,ATG15840.1,ATG15840.2	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	4.83E-01	1.25	54	2	2	24h	4h	430698	421000	616938	517444	466645	599742	606737	514054	618558	462005	535213	574633	418671	430356	556083	504488	429975	523566	394813	486982	511708
ATG23150.1,ATG04710.1	PKTD1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	4.83E-01	1.26	644	12	11	24h	2h	2692914	2867709	2582812	2531155	2337432	2163597	3238834	2318273	2759765	2802043	2097794	2698099	2587576	2627106	2704171	3052727	2514084	2382722	3560122	2679221	2642218
ATG60900.1,ATG34760.1,ATG60900.2	GRF1, GF14 OMEGA - 14-3-3 protein omega	4.83E-01	1.34	1458	22	9	24h	4h	1445878	1369359	2018268	1638013	1779033	2084228	1986051	1604950	2158912	2128951	1567402	1869448	1631691	2208002	2202285	2041067	1495557	1578813	2434317	2676016	1747302
ATG04430.1,ATG04430.2	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	4.83E-01	1.72	151	4	3	10h	0h	19052	41340	57680	62150	20595	42156	49323	53748	81154	47016	45817	52997	56086	25995	41815	37485	26851	42392	47664	58373	49072
ATG22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	4.84E-01	1.43	526	12	9	2h	24h	618914	698260	894866	875943	713982	883198	746581	597408	1012553	643067	632706	753851	757557	516286	731598	689466	514741	844930	624635	371665	741681
ATG54330.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	4.84E-01	1.38	933	12	6	6h	24h	22582	27429	32049	29364	44193	35571	33669	35643	44481	31210	30105	21604	28070	31591	33115	28971	40844	43864	41803	34586	39326
ATG41790.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	4.86E-01	1.66	68	3	3	6h	2h	6373	8516	11504	19519	10408	8238	205377	104573	98923	113375	72483	102484	123916	87823	158857	148689	112249	103852	166756	106874	164335
ATG45600.1	EDS1, PAD4 family - lipase-like domain protein 1	4.87E-01	1.43	126	12	9	2h	24h	15420	30039	52107	45161	39457	19644	31773	31822	74934	45751	11158	37736	37761	55671	22252	55056	54898	26421	41186	40666	28426
ATG45260.1,ATG35650.1	Ribosomal protein L34e superfamily protein	4.88E-01	1.38	336	5	5	24h	0h	202013	287906	262778	271845	205941	334164	287906	262206	227628	233621	307940	319403	290159	276511	358801	242793	260479	252476	412686	305095	
ATG04690.1	KAB1, KV-BETA1 - potassium channel beta subunit 1	4.88E-01	1.54	241	5	4	0h	4h	197728	196828	76059	222462	243019	218114	357599	231376	136149	173226	209877	172022	211155	182195	240509	197766	189216	220360	185984	247183	261183
ATG34420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.88E-01	1.31	523	8	7	2h	0h	382050	406764	307127	389620	381452	258718	518803	332690	320277	434923	440746	418187	360310	336513	377277	375951	409258	381136	345815	371235	424036
ATG13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.89E-01	1.38	2100	29	3	4h	24h	320928	607764	675487	588099	545260	423635	812700	545664	720096	663176	645842	528431	626866	507513	489885	623485	648649	595645	565665	473653	464906
ATG20160.1,ATG12600.1,ATG22380.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	4.89E-01	3.27	93	2	2	2h	0h	14106	21025	10941	4178	27567	24782	7632	33043	7904	11106	25069	11955	22023	22781	24427	5624	14807	12543	20635	68781	18254
AHG94240.1	PGL5 - 6-phosphogluconolactonase 5	4.91E-01	2.42	97	2	2	10h	0h	14110	12175	30087	27082	24970	16445	15655	20178	37886	12576	25442	46266	17172	77988	68389	20888	23172	23550	30433	50644	45158
ATG79380.1	Ca(2)-dependent phospholipid-binding protein (Copine) family	4.92E-01	1.31	62	2	2	2h	0h	55601	48582	93148	56910	45568	52873	74478	42490	41281	64164	53623	77330	47290	54399	51407	65544	60591	63491	49117	39875	61577
ATG22120.1,ATG15160.1	CWLP - cell wall-plasma membrane linker protein	4.92E-01	1.76	130	2	2	4h	0h	39686	77545	80182	72953	60110	85149	24481	77060	17675	52585	48523	61032	50846	48369	71150	27932	41131	89207	68155	89649	71815
ATG20770.1	Ribonuclease H protein At1g65750, Dimethylmenaquinone methyltransferase	4.93E-01	1.36	91	3	3	6h	4h	50411	50856	47441	58880	60811	46217	36590	37397	19644	41753	31552	46450	41102	60250	56631	38541	62014	35776	34255	46931	49420
ATG35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	4.93E-01	1.86	364	8	1	8h	24h	0	3692	16630	10479	4125	5668	15223	3578	11987	12144	2439	5443	15071	8520	9632	10331	12330	5902	6225	6328	5317
ATG57980.1	CCOAMT - caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase	4.94E-01	1.22	62	1	4	24h	1dBelg	0	0	2839	1003	0	205	810	0	0	0	0	0	0	0	0	785	0	0	16334	1056	0	
ATG34470.1	UREG, PSKT109 - urease accessory protein G	4.95E-01	1.33	152	4	4	2h	24h	69422	91348	112496	73108	74424	82410	82350	88683	104548	82926	69193	98681	76969	84991	94698	92680	80441	88999	85783	123712	95759
ATG29250.1	Alba DNA/RNA-binding protein	4.96E-01	1.98	52	1	1	6h	0h	55690	78009	118882	33523	50395	99709	24561	63313	78296	69422	45274	46619	38018	54615	35082	47534	47959	40107	47140	76274	57876
ATG02960.1,ATG09680.1	Ribosomal protein L22/L17 family protein	4.96E-01	1.94	97	2	2	6h	4h	98296	77114	152643	118512	92297	121286	271203	75209	160443	114990	75642	75339	119320	115558	106698	125402	117632	107010	110053	87991	110567
AHG95180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	4.96E-01	1.30	1133	14	10	4h	0h	28020727	29930989	33770308	20055367	27041914	27558381	16802644	24799775	29981143	27277622	25788543	32330580	20525070	25002357	25143091	21832934	25550161	23158920	16818626	30807828	26451716
ATG24300.1	SIA1, SIL, ATIS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	4.96E-01	1.21	266	7	7	4h	10h	2936677	1837772	4933335	4113821	4449694	4713128	4816893	4606419	4269772	3840663	3639962	4503030	4025568	4099900	4258585	3956679	3042882	4332765	4179594	5262200	4029964
ATG62840.1	SUMO1, SUMO2, ATSUM1 - small ubiquitin-like modifier 1	4.97E-01	1.20	226	3	2	4h	6h	119624	134419	127333	144934	135316	102563	147369	137086	143814	134482	130064	134225	129302	115140	142447	118940	124856	132411	113753	127888	124488
ATG53165.1	ATMAP4K ALPHA1 - Protein kinase superfamily protein	4.97E-01	1.61	26	1	1	2h	0h	108694	201673	191391	277425	208792	216880	121339	189926	195839	167654	187256	215269	174273	201842	224499	234094	109564	350193	126946	156663	152483
ATG17500.1	Hexite (2fe-2s) domain-containing protein	4.97E-01	1.55	44	1	1	2h	10h	7922	21388	26729	15983	15721	16193	16851	13565	15625	11031	14277	16916	16429	10934	17335	8723	7973	14168	10693	15864	15409
ATG21385.1,ATG21385.4	unknown protein	4.98E-01	1.22	239	6	6	4h	6h	209593	259010	267442	236432	279838	188832	279366	258888	267506	272762	214085	245012	275315	233703	278061	254872	218432	214178	193827	223518	227787
ATG24090.1	Ribosomal protein L35	5.00E-01	1.61	35	1	1	2h	0h	409309	184884	311014	238197	196444	186316	408294	153622	232507	245967	206215	250378	291573	171239	226593	305384	365284	328832	345666	202417	259339
ATG78870.1	UBC35, UBC13A - ubiquitin-conjugating enzyme 35	5.01E-01	2.19	126	2	1	2h	24h	7008	28299	31634	32121	4826	5761	25248	11568	20497	14158	20139	21820	9809	12213	14771	22521	23737	13510	35544	29800	15340
ATG19150.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	5.01E-01	1.90	21	1	1	6h	0h	63977	45386	61958	67018	39759	55516	18706	54073	70924	64594	52882	61078	24773	45706	44141	41716	63538	39829	30752	65399	38607
ATG24730.1	Prolyl oligopeptidase family protein	5.02E-01	1.11	1194	22	22	2h	0h	2459740	2323471	2162602	2283048	2400256	2448611	2494169	2224598	2072951	2080605	2236104	2098232	2334075	2189805	2055665	2498068	1940860	1962984	2436045	2448426	2145988
ATG05220.1,ATG04390.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.02E-01	1.71	142	3	3	6h	4h	157389	189281	63045	192134	136545	195646	280444	241317	185712	141616	153782	239412	166907	94157	172080	265876	165447	195477	145345	166327	186481
ATG10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.03E-01	1.72	92	1	1	8h	0h	23094	31950	2704	26798	40128	25383	26917	49953	16822	23837	32940	32226	36900	23860	38635	37012	29729	29652	16433	40583	33476
ATG21060.1	ATGRP28, ATCSP4, GRP28 - glycine-rich protein 28	5.03E-01	16.85	92	1	1	24h	8h	20407	14637	55966	4635	23382	63805	0	37098	69230	15487	0	20377	11735	0	2766	8332	27297	29060	72587	79313	92401
ATG54910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	5.04E-01	1.72	226	3	3	6h	4h	506752	407002	565746	627098	293537	392276	716260	571314	574947	976575	342625	528226	448521	248762	509318	340641	290617	509096	356881	331665	396203
ATG52190.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	5.04E-01	1.64	91	1	1	10h	8h	8379	15575	20241	14309	10576	12829	14415	16585	18472	11339	16832	7711	14866	10973	25174	15319	14686	19270	10820	19374	
ATG13780.1	methionine--tRNA ligase, putative / methionyl-tRNA synthetase, putative / MetRS, putative	5.05E-01	1.48	89	2	2	4h	0h	87153	55020	76420	90424	91981	90099	161147	84877	78263	83264	73277	101579	88747	93718	83132	94186	107131	94588	103433	60013	86405
ATG15790.1	MBD11, ATMBD11 - MBD domain protein 11	5.05E-01	1.79	75	2	2	2h	0h	23758	49791	89730	51416	36933	19237	38866	45637	59403	39251	52728	59429	66271	39407	68567	58174	67990	64591	53406	45958	63174
ATG43670.1	Inositol monophosphatase family protein	5.05E-01	1.12	1242	16	9	4h	10h	3663437	3715668	3854698	3096020	3522083	3751382	3458851	3260130	3663740	3718602	3458303	3460980	3139439	3806785	3299157	3236671	3516708	3240981	3158586	3612982	3289776
ATG15520.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	5.05E-01	1.27	441	9	9	4h	0h	259443	245526	229952	297309	248154	291633	261360	267141	185701	230706	293050	234336	264254	197486	244720	209916	193970	253688	205241	257690	251405
ATG45370.1	acylaminoacyl-peptidase	5.05E-01	1.22	127	3	3	2h	0h	209343	219935	183506	184571	178280	178240	192250	154155	192246	160073	207168	188541	174212	164825	171895	157376	155799	187416	223264	167145	
ATG25830.1	ATP6C-1 - ATPase, plasma membrane-type	5.06E-01	1.43	250	5	5	8h	4h	297886	405514	444612	447589	294484	353834	490219	382992	396924	336396	426585	387889	247938	349885	274816	494611	397065	357457	286730	435390	
ATG08360.1	DRT102 - DNA-damage-repair/toleration protein (DRT102)	5.06E-01	1.14	49	1	1	6h	4h	41939	42402	9848	41677	50642	41594	39074	51357	47174	35399	60915	44979	52466	32992	54643	33224	46700	37940	44068	39484	
ATG16480.1,ATG51980.1	MPPalpha - mitochondrial processing peptidase alpha subunit	5.07E-01	3.67	55	1	1	0h	0	1566	3754	1575	740	713	3221	342	3680	1610	0	1305	1492	3211	2884	1687	4901	4102	4634	2022	3597	
ATG78680.1	ATGRP23, GRP23 - gamma-glutamyl hydrolase 2	5.07E-01	1.23	246	4	4	6h	10h	396123	434726	347593	292860	350091	396968	294410	404395	365474	389231	409656	462204	303809	480999	441570	293102	343602	385525	344693	386197	
AHG88360.1,ATG18140.1,ATG68390.4	SAPK - serine/threonine protein kinase 2.6	5.08E-01	1.11	769	14	9	4h	10h	1427930	1487963	1277926	1201257	1168263	1162200	1154437	1347554	1419112	1410995	1375973	1354959	1365966	1303607	1442219	1267865	1160908	1264270	1105623	1466094	1222616
ATG23080.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	5.08E-01	1.25	478	10	4	0h	0	3999780	3439142	2438616

ATG056540.1	Disease-resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	5.30E-01	1.34	25	1	1	6h	24h	2045481	1699924	1969904	1967768	1373383	1399266	3001831	1514800	1418657	1372131	1827566	2297617	1968402	1390109	1775750	1710841	1619267	1583112	1382216	1481637	1816149
ATG058140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase class Iic family protein	5.30E-01	1.17	512	11	10	6h	24h	497065	554269	631458	583924	498826	515430	576150	502053	510345	670937	549982	517556	541785	506010	529842	537577	571615	534722	551743	460944	474621
ATG4g48850.1;ATG48850.2	EMB3144 - chorismate synthase, putative /5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phosphorylase, putative	5.30E-01	1.22	417	7	7	6h	24h	797673	987624	895326	926871	787086	695532	940742	690914	826642	995242	769820	825403	893813	763558	903982	1038990	972503	822989	1150242	862391	917359
ATG23450.1	ATLCBK1, LCBK1 - long-chain base (LCB) kinase 1	5.30E-01	3.89	26	1	1	6h	24h	17723	3960	4034	33417	10902	6489	64455	10823	7342	7412	6820	6993	10631	6217	12307	11234	12866	15458	7503	3629	13313
ATG060640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	5.31E-01	1.96	72	2	2	10h	0h	38318	44227	23588	53554	37124	83699	45690	56525	49334	35780	64804	72076	52219	42771	47575	86153	37607	84254	22364	63766	57552
ATG5g54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	5.31E-01	1.50	201	1	1	2h	0h	475986	350405	97328	359652	549148	476981	378745	429312	479569	311700	480014	384049	385262	265435	496169	460081	395511	521399	212445	434011	365918
ATG133320.1;ATG25800.1	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	5.31E-01	1.62	29	1	1	3h	0h	35398	45744	25579	53415	61268	57829	50537	50868	36409	31955	51691	49010	42418	38010	52566	56803	27539	79569	32543	45901	51251
ATG26950.1	unknown protein; Has 27 Blast hits to 27 proteins in 8 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Pla	5.34E-01	1.70	24	1	1	10h	8h	5525	4901	1151	3683	5000	2486	3246	4563	3124	3190	4082	2771	2895	2880	2590	4773	4840	4635	4425	3814	5811
ATG26720.1	Glycosyl hydrolase family 38 protein	5.34E-01	1.30	127	3	3	24h	0h	137693	167810	84444	139738	166233	168458	158526	184684	157417	128164	150110	166322	141287	146835	178520	177061	137528	153659	113454	193816	180846
ATG4g43620.1	Chitinase family protein	5.35E-01	0.78	57	1	1	6h	0h	1370	16788	5162	5297	15681	0	17382	3018	0	1085	4860	2391	14060	4902	34093	3057	17207	14882	33934	6800	40833
ATG133030.1	unknown protein	5.36E-01	1.26	557	11	11	24h	6h	283801	303855	365258	338312	329675	293673	345030	351454	383107	393717	266029	246865	353728	407678	296605	324228	349441	264844	435403	396630	331853
ATG21784.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	5.36E-01	1.98	133	2	2	10h	6h	13224	14274	9958	10447	14230	28786	19625	16590	15894	5383	12192	9910	10123	11951	19060	16311	6844	31128	13253	15742	7503
ATG26670.1	HY1, ATHO1, HO1, TED4, GUN2, HY6 - Plant haem oxygenase (decyclizing) family protein	5.36E-01	1.83	59	2	1	6h	24h	18969	25405	24501	69555	7705	7593	50187	24517	26604	33592	46019	24990	31277	15151	16804	29569	41511	29313	21804	10456	24868
ATG4g48860.1	QWRF7 - Family of unknown function (DUF568)	5.37E-01	1.44	22	1	1	10h	0h	191227	143298	87916	187237	176607	164195	168997	167132	161670	124395	163938	198380	187228	112845	185542	244232	159741	203679	134786	189219	206018
ATG24120.1	PDE319, SCA3 - DNA/RNA polymerases superfamily protein	5.37E-01	1.49	26	1	1	6h	0h	34986	30335	52242	19912	29031	39708	15138	21550	42115	36307	26619	27084	33116	45075	32160	33719	28855	26244	32425	33267	23221
ATG18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	5.37E-01	1.56	376	5	2	24h	2h	105785	139308	108142	181387	168147	144155	110987	167075	140268	222154	170325	101567	199434	191285	179400	185554	235708	225425	114370	197342	267303
ATG5g50600.1	SCL5 - scarecrow-like 5	5.38E-01	2.46	23	1	1	10h	0h	52659	88205	102997	28582	45009	41559	116086	0	21205	111574	40293	41062	86902	2417	152191	13395	37639	45766	11916	61277	141730
ATG23050.1	Arabidopsis phosphosulfolipase-like protein (PEARLI 4) family	5.39E-01	1.77	22	1	1	6h	0h	20525	25012	3136	32208	23854	12703	31643	39022	15646	20304	25418	33214	22185	10826	18415	28105	24566	13471	19075	36728	26578
ATG45930.1	CHL2, CHL-2 - magnesium chelatase i2	5.39E-01	1.44	431	8	2	6h	24h	115694	183331	135316	219757	274780	197720	213602	194028	173565	240757	206147	246375	270701	220110	192234	228862	207606	221221	114880	194058	153887
ATG58920.1	RPL34 - ribosomal protein L34	5.39E-01	1.48	38	1	1	2h	6h	54466	49893	102881	83600	58465	88272	103030	46494	71194	60957	50982	37558	93418	56778	74216	63534	77339	68996	49717	59456	60827
ATG42130.4;ATG42130.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	5.40E-01	1.74	237	5	1	10h	0h	4591	1985	7539	3700	6651	9648	5559	4623	9836	8838	8220	4748	8099	6482	4240	8195	7328	9033	3756	7630	4295
ATG41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	5.41E-01	1.34	439	9	5	6h	0h	368583	381921	659431	414492	375696	657395	578345	341564	429862	527528	292227	285054	492954	469518	466780	519682	444592	382891	385040	375343	
ATG58920.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	5.42E-01	1.73	23	1	1	2h	6h	1621	10383	7843	8236	6999	5487	7265	6187	7037	12159	8631	7702	8246	11091	12990	9111	13419	4838	12790	11861	5551
ATG54770.1;ATG17190.1	FPS1 - farnesyl diphosphate synthase 1	5.43E-01	1.20	189	5	5	24h	6h	212869	192171	198446	262709	210731	202594	295051	201776	218395	237612	226718	199320	238409	188883	208815	222891	203037	206340	207589	193171	195334
ATG5g44460.1	endoribonuclease	5.44E-01	1.58	42	1	1	2h	0h	14733	7607	3383	12242	17205	11676	14167	15199	5838	11060	16870	15494	14635	9768	16689	15317	9416	16278	8738	19966	13775
ATG25530.1;ATG25530.2	GHBDH, ATGHBDH, GLYR1, GR1 - glyoxylate reductase 1	5.45E-01	1.21	1081	14	14	4h	0h	1714474	1637556	1715507	2122059	1743084	1515407	2478307	1836869	1804200	1990616	1686467	2028319	1836238	1624684	1796685	1896408	1910936	1666170	1868792	1598469	1769594
ATG26370.1	Double Clp-N motif protein	5.48E-01	1.23	262	6	6	6h	2h	440096	446626	583349	379078	408237	403289	429636	410042	525762	492466	376587	584414	391278	367000	462689	486338	422213	457631	370744	523134	464898
ATG26200.1;ATG26200.2	catalytic/transferase;[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	5.49E-01	1.16	604	9	9	4h	2h	1313192	1019426	1281631	1493930	1242906	1085035	1527086	1598021	1279535	1409145	1230304	1302839	1219249	1120199	1341693	1256670	1362339	1196547	1054775	1180327	
ATG27630.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	5.49E-01	1.32	182	4	1	10h	4h	47187	51548	47603	59080	44942	33358	58501	37212	23207	37943	39192	42299	38045	49792	55436	48225	48498	59755	47933	49246	46355
ATG27220.1	ATPHOS4, PHOS4 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	5.50E-01	1.25	87	2	2	4h	0h	169478	194889	279016	216028	204932	217054	249245	224372	293539	203947	257351	228205	215027	213640	182748	226612	250837	213508	257301	253541	184499
ATG31060.1	FBBP-like protein;prolyl-cis-trans isomerase family protein	5.50E-01	1.65	142	4	4	6h	0h	226365	305166	313556	264455	159431	336865	171674	166349	263407	230657	183924	255315	254654	208614	221004	227857	293796	260935	221060	256560	200193
ATG33420.1	Protein of unknown function (DUF810)	5.50E-01	1.69	23	1	1	24h	2h	7153	9579	7655	5791	6275	6329	8759	6389	6242	6844	10286	6230	4428	6025	10179	5939	7030	7796	13237	7604	6046
ATG27310.1	cobalt ion binding	5.52E-01	1.79	54	1	1	6h	0h	9398	6721	8631	2983	9205	9463	1475	3468	1602	4099	6146	0	3581	1587	6593	942	4947	2797	6595	9565	412
ATG5g54900.1	ATNBP45A, BIB45A - RNA-binding protein 45A	5.52E-01	1.47	41	1	1	2h	6h	18086	24253	28224	21112	20369	20276	12954	20064	18455	28499	29721	22075	23473	21911	16893	24308	33378	17950	31343	37990	30403
ATG59260.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	5.55E-01	1.27	117	2	1	4h	6h	55995	50527	59871	55332	72660	45749	66974	63131	54887	53404	48750	43227	58221	50446	48851	48394	61103	50932	73364	53416	50544
ATG14410.1	ATMYC2, ATMYC, BHLH3, BHLH5 - basic helix-loop-helix transcriptional regulator	5.55E-01	3.25	69	1	1	6h	0h	9107	7607	0	12845	2012	2082	5252	9760	10513	8560	11335	4581	5977	1864	0	4281	6302	2047	4232	7055	2639
ATG26300.1	emb1027 - Arginyl-tRNA synthetase, class Ic	5.56E-01	1.22	636	11	8	2h	0h	341398	266810	231068	322000	365339	334252	358817	264913	250593	296159	258879	309037	286013	281195	332245	304642	296979	322164	261323	260200	336098
ATG10160.1	Thioesterase superfamily protein	5.56E-01	1.28	216	5	3	6h	0h	134686	164793	202610	157086	143487	142498	111718	131700	185101	126700	122676	157692	126344	101620	164325	112286	145447	133637	152056	156542	150095
ATG43720.1	Protein of unknown function (DUF2361)	5.57E-01	2.87	28	1	1	10h	6h	1402	1607	2520	2378	64	786	2407	1149	408	1495	303	418	0	781	1975	1820	3254	1283	1164	130	1067
ATG56340.1	ATCRT1 - RING/U-box superfamily protein	5.57E-01	1.56	21	1	1	4h	6h	27079	18519	3887	27610	27410	18391	21555	36081	19650	19894	25326	27208	21465	13280	20515	24666	18230	26704	8998	20595	24751
ATG44040.1	Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	5.58E-01	1.96	22	1	1	4h	6h	85681	91924	66419	144052	95784	47818	176838	90303	60687	56099	68163	42902	83590	51935	118155	79416	87032	95019	68923	38722	92110
ATG27300.1;ATG40760.1	GIP5/5 - glycosyl phosphatidyl inositol-dependent cell wall anchoring protein 5	5.58E-01	2.51	117	2	2	24h	6h	4661	21224	8509	13791	14443	6452	11710	13052	6005	15095	9431	10090	15339	17508	2180	9418	12209	13119	32056	24912	14806
ATG59810.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	5.58E-01	1.55	127	2	2	10h	0h	105547	181570	202518	84995	168000	170154	113313	167384	128706	106121	134407	144662	93765	152634	96982	100665	85886	128806	115093	169905	144176
ATG31910.1;ATG31910.2	GHMP kinase family protein	5.59E-01	1.45	85	2	2	24h	4h	21522	22001	8434	24566	26349	21928	13964	24612	13191	16872	21169	24808	23750	18730	25676	20817	15649	27426	18512	36071	20710
ATG12520.1;ATG12520.2;ATG12520.3	ATCCS, CCS - copper chaperone for SOD1	5.59E-01	1.89	113	2	2	2h	24h	13245	14560	21458	51692	20199	9198	19455	18080	20406	31816	22662	16207	28171	19861	14619	27633	24401	23559	18401	9886	14695
ATG23300.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	5.59E-01	2.83	28	1	1	8h	8h	7392	4564	6610	0	966	6141	141	2240	4672	2595	1857	3674	187	5005	1363	4880	2942	1101	6912	9389	296
ATG11750.1;ATG11750.2	CLPP6, NCLPP1, NCLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	5.59E-01	1.24	284	5	5	2h	6h	354254	432850	374436	453976	450961	291233	373192	453357	447088	407382	405383	455166	403769	368302	422183	390492	379699				
ATG54580.1	ATFWP13, FWP13 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	5.59E-01	1.40	284	5	5	2h	6h	666952	892197	624502	1180569	810155	678581	1249687	967409	840854	754759	893941	935383	1025039	693825	825375	912657	797703	820268	642282	771296	657403
ATG53480.1	ARM repeat superfamily protein	5.59E-01	1.39	215	6	6	4h	0h	62676	114367	41989	87154	80905	89696	103558	93641	108340	66686	73272	101046	74005	75530	98285	111747	60433	122330	81473	111223	100965
ATG5g02770.1	unknown protein; Has 60 Blast hits to 336 proteins in 126 species: Archae - 0; Bacteria - 54; Metazoa - 249; Fun	5.59E-01	1.31	29	1	1	24h	2h	3708	40030	54230	40488	40772	39587	45276	48244	41507	38799	41733	34763	37575	32249	47818	35925	29967	37506	41661	51789	46096
ATG27720.1;ATG27720.2	60S acidic ribosomal protein family	5.60E-01	1.89	311	8	3	6h	6h	95410	134924	139704	111764	182193	158421	184270	227421	166424	250297	194313	137066	167352	305989	381062	254860	154996	158649	202683	219425	198265
ATG54360.1	zinc ion binding	5.61E-01	2.35	85	2	2	2h	0h	13638	15782	19916	2464	15616	17090	1709	12628	13884	12613	13438	12105	9260	15461	11869	7994	9529	8952	3795	10921	6316
ATG44630.1	MCCB - 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase	5.61E-01	2.01	51	1	1	2h	0h	2038	950	1316	630	286	1228	298	948	2434	1369	1272	1230	860	1589	809	1347	1210	798	1062	607	823
ATG56550.1;ATG25500.1	Maf-like protein	5.63E-01	1.80	73	2	2	6h	0h	44229	53179	25382	72389	73531	37119	98914	65842	55681	40120	68335	57520	73384	31453	76772	49878	56985	64876	38833	40151	72552
ATG28550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochromic quenching 1	5.64E-01	1.26	353	6	6	6h	0h	1062358	1047922	962579	731243	1089613	867469	850177	781311	1067347	901171	687785	1063971	824820	821327	800705	951856	954361	801601	946759	968172	906490
ATG54880.1	Ribosomal protein S7e family protein	5.66E-01	1.38	69	2	2	6h	0h	200610	276487	319987	227252	228538	186616	259209	388410	164876	272712	207613	167019	209861	240878	224302	164580	251647	265899	213897	235464	165681	200813
ATG70600.1;ATG23290.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	5.67E-01	1.51	107	3	3	6h	0h	146037	138820	275104	264489	185746	256288	390006	148399	217355	226494	146715	125772	267655	200048	213529	174020	227639	206452	166175	153379	211604
ATG59130.1;ATG09130.3	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	5.68E-01	1.23	186	4	4	4h	0h	809900	813353	958120	619938	852077	846705	593017	721436	833878	882036	704996	751249	799280	820261	746668	815858	678208	602700	700322	859882	620400
ATG29570.1	PCNA2, ATPCNA2 - proliferating cell nuclear antigen 2	5.69E-01	2.28	49	1	1	6h	0h	812	558	1062	953	1382	1154	1191	649	1528	1130	1762	859	664	1235	0	2253	1007	235	1627	1578	0
ATG61700.1;ATG31700.2	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	5.71E-01	1.67	430	6	2	0h	6h	76488	67025	167622	67338	69536	87954	116956	66240	84704	67348	64731	54393	113876	82679	71708	84035	110668	87260	84672	71400	68510
ATG61940.1	L-Aspartase-like family protein	5.71E-01	1.31	738	15	9	8h	0h	1132574	1054322	1817011	1481151	1613396	1376985	1711276	1224614	1394815	1439884	1355059	2120041	1485911	1898649	1550697	1947550	1863833	1422216	1965902		
ATG25080.1;ATG31870.1	ATGFX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	5.71E-01	1.29	474	9	8	0h	6h	1520796	1581859	1526897	976073	1794212	1696093	1320125	1485158	1390509	1209308	1165706	1443641	1147914	1294733	1623158	1213743	1126265	1237102	885080	1403821	1403074
ATG20330.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	5.73E-01	1.30	34	1	1	24h	6h	31414	39548	35278	41192	50317	25633	32421	41798	34997	44342	27384	24140	44403	36089	39847	36172	29425	33977	43401	42947	38692
ATG64290.1;ATG14880.1	3'-5'-exoribonuclease family protein	5.74E-01	1.97	31	1	1	6h	0h	19392	16103	51305	36617	19792	28229	14547	27511	28971	21988	10982	30743	21842	7807	16036	13453	19523	27373	11160	22951	22831
ATG18080.1	ATARCA, RACK1A, AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	5.74E-01	1.38	634	12	10	0h	6h	1325308	1152516	1846770	1369506	1431854	1635228	2056806	955622	1615249	1383504	763905	1209678	1596507	1458896	1499407	1530117	1536034	1353921	1422188	950767	1449083
ATG26990.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	5.75E-01	1.72	268	6	1	4h	24h	8403	11405	25056	18282	14892	15853	36219	13787	7993	17656	7362	8852	21690	17272	18581	17601	13206	16032	13773	8402	11620
ATG59720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.75E-01	1.24	299	5	5	4h	0h	226978	225106	250467	248155	240627	229920	376705	253493	237869	248853	240061	255611	245314	273536	262797	211250	266300	273745	275226	230597	291179
ATG44820.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	5.77E-01	1.78	46	1	1	6h	0h	24958	40640	3112	31321	33885	29771	9957	34709	8840	20502	34882	35345	35955	19284	38791	39994	17818	32233	16112	39841	38051
ATG26450.1;ATG26460.1	Polydextrin cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	5.77E-01	1.26	683	13	12	8h	10h	2308494	2620460	2751040	2177081	2441001	2595146	1801487	2149050	2991973	2597700	1709452	2680661	2446816	2986950	2859019	2197976	2119691	2060074	2463118	2317229	2219778
ATG61660.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	5.78E-01	1.34	238	5	1	2h	24h	111522	89990	110960	113798	59214	81299	147913	99466	80717	89451	90858	97121	109416	78366	105861	96355	103376	97547	96827	76546	72513
ATG46430.1	Ribosomal protein L32e	5.78E-01	1.52	52	2	2	4h	0h	24063	30295	55532	47756	29361	43732	86512	32918	47980	55129	28552	32112	60698	45570	44782	44936	48809	49744	41024	32897	43219
ATG54160.1	RNI-like superfamily protein	5.80E-01	1.27	29	1	1	6h	0h	174584	133130	209779	127051	196175	192241	118116	167383	172208	201288	176863	161223	172803	183232	196584	165568	194299	160030	116003	172517	145548
ATG58580.1	SAG24, RPL19C - ribosomal protein associated gene 24	5.80E-01	3.39	200	4	2	2h	8h	1112	1758	3434	3732	0	4928	5858	2089	1472	1489	3693	4551	1808	1524	0	2676	2287	1156	2484	2796	5005
ATG19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	5.80E-01	1.70	226	4	2	2h	6h	17323	62305	41314	71052	60982	51864	42420	36585	44844	44754	12135	39771	46962	64197	38111	33003	24081	49041	48744	33390	43489
ATG36195.1;ATG36190.1	Serine carboxypeptidase S28 family protein	5.80E-01	1.32	178	4	4	0h	10h	141757	189607	152628	94800	137154	144243	113808	137477	178591	160660	116331	140870	85641	159897	137894	128674	158000	160265	171594	146863	122307
ATG15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	5.80E-01	1.72	50	1	1	6h	0h	5652	8893	5509	2509	7456	8937	10854	8968	9622	10747	5194	7534	7823	9812	2357	9057	9135	5192	5292	9713	10506
ATG59180.1	ARM repeat superfamily protein	5.81E-01	2.26	46	1	1	6h	0h	14189	5167	8342	5225	15694	17787	5981	5546	7821	5662	8394	3081	7323	14412	6497	4753	6470	14924	8751	7308	7121
ATG31860.1	AT-rich interactive domain-containing protein 5B-like protein (HISIE)	5.81E-01	1.34	259	4	4	0h	6h	80527	84661	97890	71437	89728	88903	92924	76368	92622	81654	64591	60731	98652	129227	103540	79637	81083	81724	55284	99311	96812
ATG35010.1	ATD1, TD1 - thioredoxin O1	5.82E-01	1.73	72	2	2	10h	8h	6793	7835	14085	9558	11073	7251	15596	10104	9673	17578	12002	5216	12955	11022	2903	11152	13362	21976	12034	17858	11672
ATG10940.1	dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	5.84E-01	1.41	89	1	1	6h	0h	8200	7804	16231	17119	10078	8514	10436	15152	17813	17025	13789	14665	11979	13895	8162	12031	17476	11782	9422	12721	13800
ATG54830.1;ATG07110.1	Ribosomal protein S4/S9 family protein	5.84E-01	1.75	198	4	4	0h	6h	24996	18520	77405	49634	37218	48188	81866	29653	32503	42794	28903	25255	66044	59134	51742	40028	54623	34182	30552	22887	51431
ATG56580.1	FAD-linked oxidases family protein	5.85E-01	1.45	65	2	2	6h	24h	14842	20288	23518	25025	17708	27136	30580	25971	18063	21900	18137	19331	25898	14722	22952	20880	23051	21892	19974	9013	22537
ATG12915.1;ATG12915.2	Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	5.85E-01	11.15	1524	22	1	2h	24h	31849	3284	1634	2568	40698	49450	2969	4087	3925	2158	11163	2134	2535	24156	1378	2280	1605	19477	2857	2557	2900
ATG31040.1	SCPL49, CP1 - serine carboxypeptidase-like 49	5.85E-01	7.75	78	2	1	0h	10h	621	4812	1325	5028	64	67	5577	152	418	34	381	525	811	830	594	326	80	460	237	971	190
ATG60590.1	unknown protein	5.85E-01	1.52	15	1	1	10h	6h	10356	16006	9814	10107	13094	13275	10375	8113	11045	9671	4523	7746	10285	7158	9651	6041	8011	4145	7763	11890	7415
ATG27220.1	HAD22, ATPHOS21 - histone acetyltransferase of the CBP family 2	5.85E-01	4.29	22	1	1	0h	2h	3568	2444	3058	6942	429	6535	5884	2301	970	2054	1185	0	3422	2146	3211	1969	0	4590	1146	4725	2105
ATG15210.1;ATG15210.2	ATBETA-AMY, AT-BETA-AMY, RAM1, BMY1, BAM5 - beta-amylase 5	5.85E-01	3.22	336	7	7	6h	4h	46211	87195	45635	44760	74123	192100	28401	52969	43750	18775	98459	212763	53119	154057	195635	63477	48352	102130	160478	54596	95591
ATG54080.1	HGO - homogentisate 1,2-dioxygenase	5.88E-01	2.33	37	1	1	24h	2h	16965	8847	3030	9185	6466	3048	2587	14115	11230	8798	11234	16855	11762	6301	16437	13579	8176	11446	7959	17428	18092
ATG56000.1	Adaptin ear-binding coat-associated protein 1 NECAP-1	5.88E-01	3.92	96	1	1	0h	6h	0	5108	5297	1660	755	1804	2276	6873	4215	5051	6033	1348	3229	3684	2559	4728	3960	2263	7784	4989	4021
ATG31180.1	Class II aminoac

ATG02780.1	IPP2, IPIAT1, IDI-2 - isopentenyl pyrophosphate:dimethylallyl pyrophosphate isomerase 2	6.18E-01	1.21	331	6	3	24h	6h	10h	192739	195648	145183	165267	208085	191762	242768	203267	194100	166724	196353	172804	168681	253235	174991	207807	207393	181598	204733	241047	176037
ATG26180.1	EBD14 - Dehydrin family protein	6.19E-01	1.95	172	4	3	24h	0h	10h	66107	83046	89442	29081	80853	130004	35628	65824	118539	58527	74756	66885	77867	99461	67252	47297	51187	60894	103090	134993	71934
ATG02730.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.20E-01	1.38	32	1	1	24h	0h	6h	187599	180512	71213	166786	183747	167284	145754	218013	176822	185669	152863	252221	178754	135354	183490	173712	171292	192958	168303	226047	210303
ATG39610.1	ATNAC2, ORE1, ANAC092, ATNAC5, NAC2, NAC5 - NAC domain containing protein 6	6.20E-01	2.05	25	1	1	24h	0h	6h	252049	248400	242103	133761	108351	214901	186240	192341	152058	431543	270877	234020	229928	109713	434782	218803	169384	76559	370008	64075	444381
ATG14610.1	CYP72A7 - cytochrome P450, family 72, subfamily A, polypeptide 7	6.20E-01	2.50	24	1	1	24h	4h	10h	41334	22686	23327	808	39273	38862	0	22806	21063	9828	24563	21474	9945	82143	14076	26710	17259	2757	41160	64473	4166
ATG04410.1	Oxilicos-apepide/Pro/Xaa/Ser/a-family protein	6.22E-01	3.11	46	1	1	24h	4h	6h	8679	4396	0	2526	5588	3763	1751	1065	5331	3356	10502	3347	4428	6763	3743	4272	9334	1797	14954	8638	1736
ATG37630.1	EMB2656 - ARM repeat superfamily protein	6.22E-01	1.83	39	1	1	4h	0h	6h	4254	9599	5000	13656	5605	12990	15796	11273	7484	11799	4513	9361	10466	4219	8808	15802	14017	4345	12927	12834	6758
ATG16690.1	Enhancer of polycomb-like transcription factor protein	6.23E-01	1.89	23	1	1	10h	0h	6h	11521	15209	20104	34353	16299	8853	26925	11922	20960	36592	14390	14356	21418	20040	15174	32086	29532	26768	26708	11636	17186
ATG26050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	6.23E-01	1.25	130	2	2	10h	0h	6h	83460	92306	111666	138728	89693	80761	106516	102646	97538	111418	86680	98595	125875	103132	119235	124655	112394	121619	120446	94522	93312
ATG19720.1	XPO1A, ATXPO1, ATXPO1, KPO1, HIT2 - exportin 1A	6.23E-01	2.12	114	3	2	2h	0h	6h	5285	5698	16244	12094	20030	25707	5970	12745	19485	8114	9362	16064	12456	21586	4461	13681	8132	25660	15809	10593	
ATG32520.1	alpha/beta-Hydrolases family protein	6.24E-01	1.45	185	4	4	24h	2h	6h	695636	806146	768020	772702	669073	690028	763431	597070	710949	654994	658151	777625	562807	922931	669206	790972	672536	820771	614916	688359	
ATG06590.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	6.25E-01	1.28	24	1	1	24h	0h	6h	85803	130786	146786	119694	137684	142221	121907	133673	164730	136941	118045	99494	128283	108109	112218	81298	137158	123161	119488	102441	106780
ATG47250.1	RNA helicase family protein	6.26E-01	2.17	74	1	1	4h	0h	6h	2891	2880	5671	4007	5052	969	11578	2501	3032	4602	722	2561	5097	7151	3963	16090	11026	12069	10362	930	6106
ATG43780.1	APS4 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	6.26E-01	3.09	183	3	3	24h	0h	6h	3076	4604	6194	9218	4309	1060	15411	1603	6538	3475	3016	7797	7097	7151	3963	16090	11026	12069	10362	930	6106
ATG60100.1	ATRPS13A, RPS13, PTL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	6.27E-01	1.48	248	5	4	6h	0h	6h	66578	61862	122990	82417	63495	101411	103809	48084	63378	69357	62133	38325	79712	75789	73363	53274	78004	72214	77678	59518	70504
ATG10920.1;ATG10920.2	MSD1, MEE33, ATMSD1 - manganese superoxide dismutase 1	6.27E-01	1.20	635	9	9	2h	24h	24h	2220843	2096135	2010905	1954010	2299477	2399319	2433118	1685149	2232008	2041566	1514499	2203175	1856432	2189658	2223723	2187470	1871627	2007222	1714973	2091614	1717396
ATG51250.1	unknown protein	6.28E-01	2.58	82	1	1	2h	0h	24h	2981	7042	12636	13625	6393	4264	8295	7168	3873	7895	5903	1135	7645	2369	6702	2645	4191	6085	3419	3061	2948
ATG21110.1	PUR7, PURC, ATPURC - purin 7	6.28E-01	3.33	29	1	1	10h	0h	6h	4201	5501	10011	3728	1596	1562	6052	3712	4576	1925	0	4232	4473	2049	6919	0	2618	3298	8480	0	3188
ATG25970.1	KH domain-containing protein	6.28E-01	1.29	205	5	5	24h	2h	10h	159634	235615	179117	159890	159847	143998	179117	171964	168017	251168	165330	200816	222059	170972	137791	198113	200573	218733	197805	244990	226584	115816
ATG52100.1	crr1 - Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	6.28E-01	1.30	61	2	2	6h	0h	6h	75859	69098	96334	87080	98614	80469	100120	110047	58016	62774	80669	67315	68049	92719	91813	61751	74006	86548	75674	107193	91040
ATG02470.1	DPA - Transcription factor DP	6.29E-01	1.29	25	1	1	4h	0h	6h	95513	67367	83803	79313	101177	123904	79604	85292	102910	111600	66196	76132	88583	102156	92681	80795	68038	87714	82298	97090	65979
ATG14310.1;ATG14930.3	HIM01 - Uroporphyrinogen decarboxylase	6.29E-01	1.25	489	11	11	2h	24h	24h	2468502	2054251	1280105	2107245	2661067	2472060	2499889	2241722	1979985	2022646	2180362	2094980	2172517	1924125	2270032	2203910	2075393	2007268	1440845	2417890	1916248
ATG29450.1	Ribosomal protein L14	6.29E-01	1.53	138	3	3	2h	6h	6h	19780	11914	35150	25006	13656	30662	31278	18295	23600	24157	19754	10630	32689	23899	20978	20575	14135	19140	18260	18778	19265
ATG19180.1	EC81 - E1-C terminal related 1	6.29E-01	1.45	27	1	1	2h	6h	6h	5972	5046	4715	4194	5189	3266	3567	5589	6982	7594	5530	5198	3935	5026	7163	5402	4986	3642	6294	5797	4280
ATG02180.1	RING/U-box superfamily protein	6.30E-01	1.78	33	1	1	2h	6h	6h	16230	12282	27451	13261	29302	16471	9337	19604	16330	0	15429	15707	13710	13951	11022	19815	26584	15583	11549	12324	9981
ATG19730.1;ATG29410.1	Ribosomal L28e protein family	6.31E-01	1.52	400	5	5	4h	6h	6h	373848	370129	715925	640721	416891	629795	989637	397502	655213	582698	321483	438158	625560	629439	513364	528067	755117	517165	493549	398068	572391
ATG62530.1	ALDH12A1, ATP5CDH, P5CDH - aldehyde dehydrogenase 12A1	6.33E-01	1.44	410	7	7	4h	6h	6h	564458	575476	458848	739501	695864	500291	1098740	529195	465899	524978	460808	472450	608989	538643	637132	614760	563406	544815	668088	522400	679350
ATG23750.1	UGT73B1 - UDP-glucosyl transferase 73B1	6.35E-01	1.55	87	1	1	2h	6h	6h	7506	5386	8378	4537	5887	5127	8012	5839	6013	7050	10474	6508	7152	4080	5119	6998	8568	7822	8781	2482	9142
ATG39940.1	CO11 - RNI-like superfamily protein	6.35E-01	1.54	28	1	1	24h	0h	6h	6887	7345	2749	6951	7601	4549	6318	7514	6856	3983	6885	6711	8070	4734	7649	7572	7465	6109	7056	6700	12480
ATG08030.1	Protein of unknown function, DUF642	6.35E-01	1.27	649	13	12	4h	24h	24h	2462186	2215308	2392762	2437271	3760379	2763354	3482804	3339925	2573751	3099284	3444882	2524747	2555069	3260212	2424595	2575378	3052958	2173094	2164072	3051674	2206461
ATG29960.1	CYP5, ATCYP5, CYN19-4 - cyclophilin 5	6.35E-01	1.44	53	2	1	6h	4h	24h	9948	12517	16422	12831	13023	9344	8944	10317	12868	16320	8149	11776	15653	16231	14587	14431	15111	7569	11509	12658	10374
ATG02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	6.36E-01	1.78	22	1	1	10h	0h	10h	43879	83597	119606	97345	36184	59230	82670	55598	54708	71726	41885	62759	65842	46377	52800	54921	50670	33141	66770	73637	56938
ATG20290.1;ATG55920.1	Ribosomal protein S8e family protein	6.36E-01	1.37	700	8	8	4h	6h	6h	1141915	1100252	2262104	1475201	1288180	1917129	1886978	1045862	1839535	1570588	902180	1014738	1827353	1559266	1408742	1420523	1673346	1343727	1374190	1098959	1326828
ATG29410.1	ACLA-3 - ATP citrate lyase A-3	6.37E-01	1.78	205	4	2	4h	6h	6h	47305	67583	51279	73213	69316	53237	37305	39649	65451	20873	42436	51682	54771	79712	89131	58615	72849	84573	53092	70587	
ATG29080.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase II	6.40E-01	1.11	1252	25	25	6h	6h	6h	1422777	1553269	1595876	1515875	1660459	1633093	1706071	1375362	1595000	1517307	1474728	1347073	1514543	1728209	1578806	1542268	1463457	1609059	1724564	1489775	1508140
ATG26555.1	FtsB/FtsJ-like protein 1/Sin3-like family protein	6.40E-01	1.62	51	1	1	2h	6h	24h	27093	34815	17694	9554	28059	29096	19316	30156	30161	30154	23647	22639	19465	29214	29053	27985	16260	28322	26700	25200	
ATG05120.1	ATGDA, GD1A - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.40E-01	1.79	33	1	1	2h	0h	6h	8176	8681	3963	19263	10856	7191	15002	11617	7095	6802	14005	14104	9558	6007	13683	11069	7237	13313	4977	7325	12797
ATG16680.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	6.41E-01	1.83	45	2	1	2h	24h	24h	40497	23018	9907	29920	45895	50042	22583	36794	15017	15774	42423	15593	24879	25578	19455	23541	11443	40898	18828	23636	26365
ATG28840.1	GME - GDP-D-mannose-3',5'-epimerase	6.41E-01	1.13	817	18	18	6h	6h	6h	2270713	2322195	2611680	2153302	2159986	2355169	2479936	2547329	2292777	3090494	2414315	2561544	3886582	2571336	2480070	2654021	2613092	2161526	2473868	2884775	2327396
ATG23990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	6.44E-01	1.25	539	10	4	2h	24h	24h	455121	470770	534952	284263	449209	529149	400655	429639	453378	494949	435751	430111	434654	524106	400910	417307	478178	385040	545848	632241	403691
ATG44720.1	Molybdenum cofactor sulfurase family protein	6.44E-01	2.36	34	1	1	6h	0h	6h	40437	42694	5373	67589	54772	38895	68399	93589	33758	31633	81711	95176	108365	21807	66998	92665	26162	56106	16967	79248	95354
ATG24440.1	VIRIS, VIR1 - Plant protein of unknown function (DUF639)	6.44E-01	5.54	28	1	1	4h	0h	6h	8432	10020	10371	6614	5473	1253	8721	8082	6889	22508	10657	0	4242	1749	0	5477	1803	3275	2019	0	6976	
ATG43310.1	COP1-interacting protein-related	6.45E-01	2.35	42	2	1	2h	0h	6h	12997	2709	3851	0	7867	2447	2412	1296	12068	10316	12114	1829	0	8051	6030	4372	7575	5631	9878	1499	3888
ATG26420.1	FAD-binding Berberine family protein	6.45E-01	2.67	168	3	2	2h	24h	6h	20268	15811	2398	8711	9195	18591	11201	20875	6051	9884	10321	10077	8544	6861	10960	9008	19216	16322	40732	9702	30350
ATG61440.1	Ribosomal protein L18ae/LX protein subfamily protein 1	6.46E-01	1.32	21	1	1	24h	0h	6h	8860	1858891	194202	214854	222939	194511	186194	170896	202291	150095	143899	191767	145913	144606	176496	176513	307326	244324	316376	340820	166088
ATG11870.1;ATG11870.3	ATS6S, OVA7, SRS - Seryl-tRNA synthetase	6.46E-01	1.18	334	7	6	2h	6h	6h	304726	326795	310115	325981	289163	251948	345869	298500	269848	311522	261769	306865	304907	217221	278259	330583	273806	261056	215109	295998	291381
ATG42580.1;ATG42590.2;ATG42590.3	GW3, GF14 wA) - general regulatory factor 9	6.47E-01	1.25	726	10	10	2h	0h	6h	1371668	1623702	1042286	1610079	1662215	1768573	1654325	1801281	1407176	1452425	1717530	1779408	1752129	1460064	1639041	1828910	1263936	1505481	1129982	1862627	1631636
ATG62770.1;ATG03130.1	PSAD-1 - photosystem I subunit D-1	6.47E-01	1.62	284	4	4	2h	6h	6h	313828	623465	1042387	669881	537686	825885	875142	576361	1006890	1022291	1550951	1438989	1917827	1439313	1440606	1724496	1561376	1442826	1668880	1566178	
ATG22040.1;ATG29040.1	AAA-type ATPase family protein	6.47E-01	1.85	229	3	3	4h	6h	6h	131819	122764	123412	210707	166808	87966	434602	115517	148086	154016	111376	135536	186398	153658	177170	201021	172475	174388	250146	135251	160299
ATG42530.1;ATG42540.3	CDKG2 - cyclin-dependent kinase G2	6.48E-01	2.50	513	6	5	2h	6h	6h	198976	211526	479055	240985	180495	290510	187015	189355	177944	223305	213679	182319	153876	265788	204199	342871	314648	342871	314648	209380	
ATG02220.1	unknown protein	6.50E-01	1.75	25	1	1	2h	0h	6h	49068	55217	69079	15	44484	53858	3469	42920	64111	56274	42068	46955	23548	68491	33344	43620	45932	28631	45944	68313	27294
ATG66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	6.51E-01	1.16	261	5	5	2h	0h	6h	1198380	1182672	1520681	1203247	1414742	1289371	1521276	977626	1259859	1194525	976323	1227773	1170608	1202841	986193	1131050	1257788	1140550	1293198	1147559	986921
ATG15240.1	mMDH1 - cytosolic malate dehydrogenase family protein	6.51E-01	1.19	1701	23	14	4h	6h	6h	10615355	10330497	18899393	8712619	10524845	11180550	9418900	10773329	10563103	8977456	10055324	8775932	9956834	9115027	11029038	10314384	8821234	10314838	8839502	10684066	9877152
ATG67300.1	MEE59 - maternal effect embryo arrest 59	6.52E-01	1.26	126	2	1	24h	0h	6h	1086805	1035056	1452867	1134115	1031712	1066924	1053143	1046116	1340800	975486	994967	1265422	1197003	819239	1168861	1150329	917645	1228793	1014108	875588	938600
ATG24770.1;ATG24770.2	VSP2, ATVSP2 - vegetative storage protein 2	6.53E-01	3.82	506	6	3	4h	0h	6h	59338	273429	140215	56508	242592	447819	89511	72550	193542	60978	385277	912610	68665	418534	638836	160802	319707	410037	468845	216356	420983
ATG44650.1;ATG60210.1	CHL-CPN10, CPN10 - chaperonin 10	6.55E-01	1.68	206	2	2	6h	0h	6h	649123	498797	774102	778491	759403	435599	1527983	642862	672329	768156	814476	803231	1001377	194862	722417	638164	850784	883163	631344	807847	686079
ATG77090.1	HSP90-like protein/DUF1795-like phosphatase II reaction center PsbP family protein	6.56E-01	1.25	346	6	6	0h	10h	24h	584374	726425	704658	640622	610124	729718	392511	552762	694320	598137	574501	724144	525794	660311	545115	546561	533637	529372	556765	639310	509689
ATG16880.1;ATG16880.2	unstylylranbarrase-related	6.57E-01	1.30	469	9	9	6h	0h	24h	1777308	2690288	1988878	2058871	2393196	3101735	1960313	2412844	1889406	2254591	2454588	2956657	2178768	2745456	1872207	1965589	1716311	2948644	1909907	2397676	1602216
ATG74980.1	RING/U-box superfamily protein	6.57E-01	1.71	34	1	1	2h	6h	6h	2495	4669	3407	7133	3420	5790	7608	4345	5248	3565	3847	4715	3707	3165	5956	5280	3576	7119	1549	3095	4486
ATG62060.4;ATG62060.1;ATG62060.5;ATG	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	6.57E-01	1.21	989	11	10	0h	6h	6h	11725936	12088036	13883826	11964933	10997568	9370610	10692417	11385788	12612798	11020786	11419583	10636658	11667377	8009746	11595138	9196256	11186936	12728467	11274055	8788693	11896141
ATG02050.1	RRM/RBD/RNP motifs-containing protein	6.58E-01	1.72	96	3	3	10h	0h	6h	27587	38625	67861	49435	19315	60347	64290	28097	61810	38886	30164	19814	45068	49122	49294	33571	18825	30291	36955	32005	
ATG69670.1	Oxidoreductase family protein	6.58E-01	1.17	503	10	10	6h	0h	6h	375675	366432	387385	439417	350554	307889	398376	340540	293681	377328	398028	401635	352301	291721	359045	368027	418018	359820	419201	303606	383948
ATG69180.1	TOE1 - target of early activation tagged (EAT) 3	6.59E-01	42.86	28	1	1	2h	0h	10h	167252	7073	10669	2198	77208	506501	0	7451	76878	2067	28101	1912	7068	297845	9794	4445	4647	4579	11353	56842	682
ATG62610.1	Ribosomal protein L4/L1 family	6.59E-01	1.36	1639	14	13	4h	6h	6h	165056	164199	151355	166663	155063	100152	186018	171903	156709	221864	224288	128914	176612	113482	154665	170557	210112	167310	273999	121665	177413
ATG64380.1	Inositol monophosphatase family protein	6.61E-01	1.84	90	3	3	4h	24h	24h	5289	17629	23536	14055	14564	6608	17803	17966	13093	17821	11033	11817	17541	8980	11328	13165	14591	12075	9433	6066	11119
ATG65390.1	ATRFNR1, RFNR1 - root FNR 1	6.62E-01	1.63	37	1	1	24h	0h	6h	54013	78930	91961	58985	105314	54760	51164	82260	95105	38156	82649	73556	42575	60198	74166	46135	126822	90533	114800	85549	87379
ATG37790.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	6.62E-01	1.21	51	2	1	10h	0h	6h	33531	40309	41903	43621	37769	43441	40228	38751	53666	47906	31805	45253	33410	37342	64580	47229	40466	46618	44514	42960	44452
ATG17310.2;ATG17310.1	UGP2 - UDP-glucose pyrophosphorylase 2	6.62E-01	1.26	1167	21	5	0h	6h	6h	165918	172436	211742	258458	199751	171640	273106	229023	178574	245466	214320	234185	218367	150925	209968	173963	231789	213636	229053	150313	210939
ATG68780.1	AIP3, PITD4 - ABI3-interacting protein 3	6.63E-01	1.81	50	1	1	2h	0h	6h	7998	18753	23930	13010	5381	9568	15360	14167	9430	12932	8660	11585	14433	14534	12880	19017	12268	1534	14128	24079	10449
ATG25170.1	calmodulin-like 9 protein	6.66E-01	1.47	139	2	2	2h	0h	6h	68078	130506	42492	127051	132103	103372	129455	127787	69520	65639	101213	117209	104104	82102	113734	95758	85309	101434	55463	86055	121274
ATG73690.1	CDKD1;1, AT;CDKD;1, CAK3AT - cyclin-dependent kinase D1;1	6.66E-01	2.72	38	1	1	10h	0h	6h	65802	33543	4145	15744	25207	47576	9659	51118	10831	24005	65500	57843	26962	19758	31808	21798	14778	17627	22494	60512	35817
ATG15740.1;ATG37600.1	Ribosomal protein L36e family protein	6.66E-01	1.54	104	3	3	24h	0h	6h	11701	9503	24495	21524	9761	33429	22692	14676	24290	20100	11261	13957	28088	17669	18319	16775	20173	12541	13220	12707	16214
ATG60530.1	late embryogenesis abundant (LEA) protein-related / LEA protein-related	6.67E-01	2.02	25	1	1	2h	0h	6h	22646	34220	59172	33502	26840	21904	31479	25246	38199	26580	31153	29252	30299	26223	33428	43654	42383	19389	30161	76591	16580
ATG36390.1	Co-chaperone GrpE family protein	6.68E-01	1.31	95	3	3	2h	24h	24h	142114	115629	129386	150498	199308	118935	174322	134904	120856	155000	138660	92330	141438	110689	120036	101115	129380	146694	123635	110140	123653
ATG56100.1	Ribosomal protein S7e family protein	6.68E-01	1.51	100	2	2	4h	6h	6h	112797	110779	224327	155272	153554	200226	201587	114784	219414	156464	98115	154579	157825	158879	129836	178691	102110	162215	168187	159823	166979
ATG57870.1;ATG57870.2	elFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	6.68E-01	1.62	219	5	3	24h	10h	10h	46600	80298	78576	51996	60416	93271	39572	81275	38088	61284	46414	103331	54718	65892	68205	56072	41390	50266	54169	124634	60100
ATG69740.1;ATG64318.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	6.68E-01	1.30	1220	18	17	4h	0h	6h	4503621	4432065	4324771	6363496	4925296	3949930	7814971	4788898	4596738	5260115	4507430	4505846	5476480	4390281	4599411	5138715	5195560	4322180	4389354	4343182	4722259
ATG63870.1	DGD1, GGD1, IHD2 - digalactosyldiacylglycerol 1	6.68E-01	1.68	43	1	1	6h	0h	6h	19057	20165	8076	523	13754	18586	1405	10866	18453	14888	15004	14680	20418	15364	15931	16506	14120	6020	10625	11945	8726
ATG09830.1	Glycinamide ribonucleotide (GAR) synthetase	6.69E-01	1.16	421	6	6	2h	0h	6h	319781	329708	410214	331965	325996	305432	310486	349403	313370	386502	280368	361602	320957	364199	341763	330500	392161	307597	294395	358313	272294
ATG23050.1	Kinase interacting (KIP1-like) family protein	6.70E-01	1.71	20	1	1	24h	0h	24h	38670	40479	42204	105571	34831	16783	92988	46996	33898	52581	74912	39394	55923	16403	34013	44580	71182	66367	39629	15653	51032
ATG46240.1;ATG46240.2	PGI1, PGI - glucose-6-phosphate isomerase 1	6.70E-01	1.07	1037	18	18	6h	0h	6h	1295422	1355596	1890015	1378560	1494489	1383988	1528423	1291462	1440640	1307093	998624	1411064	1350907	1516734	1240642	1424319	1377239	1229753	1302005	1381853	1392945
ATG15020.1;ATG15020.2	mMDH2 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	6.70E-01	1.42	952	14	11	4h	6h	6h	59243	63878	76237	84851	62459	53898	115877	62532	78511	66976	71350	63908	61633	65538	67065	74935	75257	46611	100169	73997	56885
ATG51720.1	2 iron, 2 sulfur cluster binding	6.70E-01	2.67	52	1	1	10h	24h	24h	5705	17402	16321	42223	9768	0	28480	11803	16581	16100	20364	22810	17003	0	23535	7887	14794	59705	0	3407	27489
ATG58740.1	elongation factor Tu family protein	6.71E-01	1.17	365	6	6	0h	6h	6h	1243869	1910628	1227387	1283495	1165534	977204	1245311	1104607	1233895	1165534	977204	1245311	1104607	967486	1304866	1238996	1178014	1022886	1238995	927814	1008855
ATG24970.2	Nuclear pore localization protein NPL4	6.71E-01	1.99	80	1	1	24h	0h	6h	18511	9792	379	15466	23693	13431	18686	23155	1804	10685	22905	18761	25456	4476	13949	15922	6311	15026	8557	29177	19376
ATG15730.1;ATG52570.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	6.72E-01	1.38	419	9	9	0h	6h	6h	365320	395639	375557	418169	416066	454346	406923	416671	460992	435616	332760	440603	388713	448500	392185	479813	371913	449952	362434	445041	329276
ATG20340.1	DRT112, PITT2 - Cupredoxin superfamily protein	6.72E-01	1.23	794	11	11	4h	24h	24h	20752894	22071104	17430742	19266788	22173949	19403464	19649836	21431285	28463780	20446052	18821875	19356480	21476

AT1G51140.1;AT1G15140.2	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	7.07E-01	1.16	452	8	8	0h	10h	2520406	2329638	2314812	1857030	2649021	2096690	2477064	2214991	1941206	2308499	2319959	2260019	2287239	2408426	1912792	2021369	2226028	1934550	2194488	2333946	1920894
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	7.08E-01	1.24	1221	19	15	0h	8h	65542431	72859285	86439381	55334806	59271244	74794468	52364608	62706617	96170738	65744592	72420011	75261948	59632717	62151380	60132227	52288963	76994053	63219872	56088676	73270339	57261604
AT5G48880.1	PIET1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	7.08E-01	1.42	138	2	1	0h	1h	42387	50567	75535	54692	33928	57872	39004	68589	106399	61004	32420	55797	48041	79230	79415	60688	81996	65511	57495	77946	41327
AT5G55840.1	Hs1pro-1 protein	7.09E-01	1.41	25	1	1	0h	6h	178608	202955	217122	223768	218807	74421	269220	125245	49363	159368	147717	117505	241493	162847	195110	199260	139889	245859	217958	176886	148415
AT3G39080.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.09E-01	1.22	76	2	2	0h	8h	63473	99829	100310	94780	91958	55206	116855	94378	84898	115438	87319	85139	94783	71223	83573	99044	98083	90405	96551	88458	93174
AT1G20450.2;AT1G20450.1	LTI26, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	7.12E-01	1.64	163	3	3	0h	10h	166901	131074	250295	114240	100064	235694	102627	97998	235163	106824	92546	167233	137230	115591	170751	102919	73819	158191	106486	96986	155274
AT3G18420.1	Protein prenylhydratase superfamily protein	7.13E-01	1.49	28	1	1	0h	2h	7220	15597	36962	26433	22102	9122	21167	17159	21929	24174	20053	20578	40499	22331	23070	26032	19710	15878	21015	27817	27178
AT5G60820.1;AT5G60820.2	PBF1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	7.15E-01	1.13	261	6	6	0h	24h	421527	401755	471244	437137	401491	416115	443638	358093	405489	464988	365528	389928	427908	499957	423412	428525	411344	379216	511406	483475	365955
AT4G26620.1;ATMGD0600.1	Amino acid dehydrogenase family protein	7.15E-01	1.21	213	5	5	0h	4h	126409	177175	146260	174137	171806	128693	170532	145114	184489	123915	142420	147887	155312	182160	120977	162062	161259	157093	157347	150719	165760
AT3G30410.1	KS, TTC4 - tubulin folding cofactor A (KIESEL)	7.15E-01	1.23	39	1	1	0h	8h	129968	113217	145905	175526	144079	125910	115901	119606	183869	125892	148303	135737	142792	95861	141582	136617	160810	170717	133819	97976	150704
AT5G47370.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	7.15E-01	1.39	236	4	4	0h	6h	30263	35153	61559	34212	28870	52089	44079	32627	48021	39544	24508	36409	40142	38851	30570	39852	41563	35317	37875	33328	31600
AT4G26050.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	7.16E-01	1.42	147	2	2	0h	4h	31363354	19486834	2949702	18389212	29072147	28840433	28317288	24762662	23369201	14877448	22982590	20014458	19968265	13111945	23766918	18485667	14999745	22985124	10113759	25123121	21573866
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	7.16E-01	1.19	299	4	4	0h	24h	665109	522410	376469	459484	551220	364076	502777	496644	527131	467812	530269	488789	451617	408898	468836	501839	545923	460983	409937	431141	463801
AT4G08810.1	60S acidic ribosomal protein family	7.16E-01	2.24	142	1	1	0h	2h	0	23541	125066	36646	4484	74541	84615	6473	74807	39547	11277	24846	102943	19691	38870	44893	12519	67618	5548	12978	55329
AT4G43070.1	SPIL3, ATSPIL3 - SQUAMA PEPTIDE PEPTIDASE-LIKE 3	7.17E-01	1.71	22	1	1	0h	2h	2506757	2969610	3124657	101707	1730990	3198718	1600848	1595842	4526191	2267912	2613307	3421423	969213	3212362	1080603	2446636	2489433	1088365	2323981	4157656	992532
AT4G24830.1;ATG24830.2	arginosuccinate synthase family	7.18E-01	1.19	149	16	16	2h	0h	1388260	1438964	969306	1335432	1638778	1534589	1497863	1303197	1352392	1120901	1467931	1416576	1396796	1200582	1434958	1400877	1408039	1466753	1189153	1488190	1442722
AT5G45030.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	7.18E-01	1.42	294	5	2	0h	6h	168220	218112	193157	220514	140005	246529	263952	165331	154708	150495	149249	207137	224916	228842	196012	194457	219578	174419	200513	232759	183608
AT4G33520.2	PAA1, HMA4 - P-type ATP-ase 1	7.19E-01	1.30	80	2	1	0h	4h	260459	159631	257070	143646	234168	256444	122247	127889	269240	174061	212247	196297	185100	170113	192634	192002	202953	246806	130613	203934	187137
AT4G33090.1	APM1, ATAPM1 - aminopeptidase M1	7.21E-01	1.21	1038	19	19	24h	6h	977056	1103267	943911	1193196	979783	869893	1383394	1000001	823680	986105	893667	947079	1075797	958920	1071317	1016861	1045330	947323	1252469	1064273	1112735
AT5G24030.1	hydroxyethyllthiazole kinase family protein	7.21E-01	1.34	25	1	1	0h	8h	9100	7088	9057	8403	9555	9363	10321	8969	5288	5845	11727	3859	7812	6906	7481	5481	7039	7830	7979	6947	7240
AT1G22930.1	T-complex protein 11	7.21E-01	1.80	20	1	1	0h	4h	10111	9199	646	10090	10213	6435	9808	6166	1691	6392	11612	13868	12688	3385	8010	9704	6759	8658	5566	7019	10260
AT4G34450.1	customer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / putative gamma-2 COP, putative	7.21E-01	1.67	232	5	5	0h	4h	26393	42935	88023	68408	63274	54115	60850	50443	32637	87639	52673	52360	55512	75179	49416	56181	84644	69972	42724
AT1G13120.1;ATG04450.1	Ribosomal protein L6 family	7.21E-01	1.46	436	11	11	2h	6h	428749	446776	943883	678680	462435	847837	1143156	681517	773779	762916	634060	482109	886416	757123	559329	670029	643190	557502	585866	521870	570015
AT5G50900.1	GDC1 - Ankyrin repeat family protein	7.22E-01	1.61	140	3	3	0h	24h	104024	159675	159832	244455	140703	110965	223009	205963	97271	162509	181888	160854	307402	92478	228406	223960	158964	243426	95276	116682	176741
AT5G59760.1;ATG59760.2	OASC, ATCS-C - O-acetylserine (thiol)-lyase isoform C	7.23E-01	1.50	143	4	4	0h	6h	57086	83945	81253	109905	101156	68787	156224	70564	105819	97384	73298	84405	105767	75338	98812	72967	95586	117099	116458	79753	96471
AT5G40390.1	SIP1 - Raffinose synthase family protein	7.23E-01	1.46	46	1	1	0h	24h	18198	20804	24612	35266	35064	19917	10768	24180	18732	25760	24031	23001	21412	18525	16452	27650	25954	30578	23062	20453	14540
AT5G20010.1;ATG20020.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	7.25E-01	1.15	789	12	12	24h	0h	5565672	3998559	4747993	4991363	5499910	4624768	5549927	4577057	4432999	6163386	4385628	4448025	5626632	5482210	5202578	4801529	5479243	5334395	6248973	4993302	5168849
AT4G28780.1	Pre-mRNA-processing-splicing factor	7.25E-01	1.25	23	1	1	0h	2h	1009868	83002	134405	89947	94163	98867	118327	107710	87745	120709	121017	98775	96088	110621	100596	96915	124410	109122	116889	68112	103584
AT4G45300.1	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	7.28E-01	1.93	625	10	1	0h	6h	22678	14364	24815	8701	12876	26427	41757	8711	23792	24815	17272	39986	30933	28523	20753	19675	40690	11958	31950	12992	43453
AT1G42780.1	unknown protein	7.29E-01	1.26	373	4	3	2h	24h	357538	413834	584737	638385	387257	461533	520888	432940	477359	491292	394025	442533	478852	357233	452351	414465	408676	440145	378343	360508	443021
AT1G44410.1	ENBD001 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	7.30E-01	1.23	491	10	7	2h	0h	127989	156469	151542	227923	170841	136298	206317	141767	179856	201223	144909	176939	187628	139566	157735	168353	158836	166942	166278	153769	147179
AT2G44790.1	UCC2 - ucclacyan 2	7.32E-01	1.24	46	1	1	0h	6h	1040	1159	587	1080	1059	115	2789	965	102	839	910	0	1183	154	1530	0	1516	1288	3212	643	1816
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	7.32E-01	1.14	1986	24	23	0h	24h	61618196	69858335	46158825	57640765	56273201	54132610	62523996	61806585	49233898	54893252	54770318	52697351	52579737	51130555	54964007	52793866	56135774	47484010	51222047	50663256	48574612
AT1G09780.1	Phosphoglycerate mutase-like 2-3-bisphosphoglycerate-independent	7.32E-01	1.22	1254	14	14	0h	2h	1914446	1677972	1552372	2161672	1884095	1782347	2238287	1649661	2139271	1732742	1649992	1929145	2054493	1652289	2246682	1924068	1876742	2523109	2003266	1768026
AT1G10220.1	unknown protein	7.32E-01	1.47	30	1	1	0h	2h	11152	24320	39978	21402	36527	11965	24341	26650	23039	22351	27872	31710	16762	40623	21752	27142	42648	32616	37715	34267	24486
AT4G25510.1;ATG15510.3	Phosphoglycerate/ inaction center PsbP family protein	7.34E-01	1.40	58	1	1	0h	4h	54722	64847	67462	37668	64204	54385	51692	45283	58296	57539	61227	53101	59379	53945	63872	47556	41544	40033	38068	64379	52752
AT4G45650.1	subtilase family protein	7.37E-01	1.64	26	4	3	0h	4h	63064	101462	35861	60662	77708	60319	44128	64752	65296	83647	98854	54605	94294	53036	71650	75625	68339	74661	64829	152739	68847
AT1G64003.1;ATG16410.1	ATMUP-470, NSP1, ATNSP1 - nitrile specifier protein 1	7.37E-01	1.86	283	6	3	0h	6h	6368	18137	5983	10212	13847	5857	7277	6656	13435	7070	20567	23305	8330	19410	9150	10919	10409	10563	29796	8991	10937
AT1G64815.1;ATG64810.2	YlaC/endosialidase-like/trimerization-associated domain	7.38E-01	1.46	100	2	2	2h	8h	17512	17626	12188	16107	21096	26253	7314	16007	17729	18801	17123	17016	9224	19926	14428	18071	13496	25771	22312	6615	15415
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	7.39E-01	1.47	104	2	1	0h	24h	13995	15840	26193	19118	22698	21129	20938	20427	18634	28156	21204	23915	17736	13691	28275	19405	13110	30572	16025	17669	16126
AT3G15990.1	SULTR3;4 - sulfate transporter 3;4	7.42E-01	1.26	21	1	1	24h	10h	53993	63431	53108	59334	75002	62728	64154	69179	68656	76797	67842	50308	61056	66816	61967	44860	66594	57076	77765	80181	54401
AT2G27030.1;ATG27030.1;ATG27030.2;ATG	RNA recognition motif.	7.43E-01	1.43	785	11	3	4h	0h	2407951	2881483	1290381	2203570	2490373	3209915	2143082	3052861	2355117	3084945	3070250	3881748	3312191	2535317	3384945	2036705	2335195	1934567	1922350	2254432	1683914	3867732	2694893
AT1G12050.1	fumarylacetoacetase, putative	7.43E-01	1.41	124	4	4	2h	6h	193302	208779	199436	141428	230157	129074	151562	232408	221740	185893	159449	150488	172338	233638	206065	198805	203173	181538	213608	203221	183478
AT1G08420.1;ATG27210.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	7.44E-01	2.33	147	4	3	0h	0h	16485	23130	20302	89380	26000	8379	68249	24165	19102	27419	25049	28214	45152	19957	19794	43193	42087	49156	41402	15468	32837
AT4G26560.1	unknown protein	7.44E-01	1.35	46	2	2	2h	8h	710849	503741	649429	496572	1007380	834273	532189	537468	760832	622696	771498	781090	534723	645272	568698	550719	715327	714224	665059	638225	684180
AT2G06140.1	Aldolase superfamily protein	7.45E-01	1.11	124	4	4	0h	10h	869261	1142110	900245	894691	996076	916366	1034601	895490	927916	865382	1017080	793257	911675	937885	839200	940828	883853	827838	1064325	1004182	874843
AT3G02870.1;ATG02870.2;ATG02870.3	VTC4 - inositol monophosphatase superfamily protein	7.45E-01	1.12	247	4	4	0h	10h	311218	337031	337443	338449	308144	314090	366569	298513	401616	344174	317397	309710	316092	391117	327728	340126	330935	277381	352564	311275	295481
AT3G09010.1	Protein kinase superfamily protein	7.46E-01	1.36	21	1	1	0h	4h	19072	24295	26852	30012	16882	20181	19001	18068	27780	19651	27224	28737	17420	25470	20693	23727	18893	11954	19166	26766	16280
AT3G05590.1	RPL18 - ribosomal protein L18	7.46E-01	1.52	198	4	4	0h	10h	23215	29361	54598	21777	37398	65546	30814	33308	51758	38106	30616	17965	46742	50520	34226	33036	46357	33759	32134	36436	31021
AT5G60360.1	Phosphoglycerate mutase-like enzyme family protein	7.46E-01	1.39	52	1	1	0h	4h	73553	27036	22515	27569	95918	27182	42713	41545	42713	19365	44309	37884	43778	178142	56902	98403	85838	50022	81088	93543	96406
AT5G03300.1	ADK2 - adenosine kinase 2	7.48E-01	1.29	293	5	4	0h	24h	253804	239805	229803	223304	306671	239895	188285	356592	253804	239507	304815	253995	298620	278279	260511	246631	305186	314552	199714	358717	357653
AT3G01520.1;ATG16480.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	7.49E-01	1.39	50	2	2	0h	8h	14099	10067	13875	17170	14307	7536	12579	14812	8538	14988	9172	10943	16652	15154	15147	9109	11023	13718	11705	9231	15372
AT4G27510.1	ATFD3, FD3 - ferredoxin 3	7.50E-01	1.12	155	3	3	0h	4h	319124	336414	355794	314452	186605	315882	249870	265391	372674	301525	317782	295925	320923	271161	322006	280509	348144	284658	334389	363402	310137
AT4G31010.1;ATG23895.3	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	7.50E-01	1.12	399	7	7	0h	4h	1206996	1422403	1287437	1200343	1285581	1295287	1669878	1172443	1425033	1239040	1279223	1330286	1304213	1230891	1325719	1202549	1282554	1141231	1479882	1215571	1214969
AT4G45470.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	7.51E-01	1.40	21	1	1	0h	2h	28736	18049	10848	16414	32134	32122	16380	31087	23501	11825	31457	19698	25375	20149	24013	27057	25075	26595	15130	22183	23331
AT5G52860.1	F-box-associated interaction domain	7.51E-01	4.12	22	1	1	0h	2h	4442568	2294074	3550879	1193414	2744443	1202856	760812	2860017	1328579	1365116	1557983	1035620	1155282	1481340	1012794	1680317	1800018	2310563	1227394	737001
AT4G04770.1;ATG44316.1	ATABC1, LAF6, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	7.51E-01	1.42	175	3	3	0h	6h	27844	29072	52031	58080	57692	37569	42549	52488	40235	65080	35200	54108	61015	14948	42590	44892	43383	27988	53782	32061	49363
AT4G19006.1;ATG45620.1;ATG45620.2	Proteasome component (PC) domain protein	7.52E-01	1.88	133	2	2	0h	4h	18554	36337	43848	44985	14406	16090	83704	17313	21436	31520	9445	24141	41705	30467	47925	40771	16492	39330	41841	22277	28426
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	7.53E-01	1.35	40	1	1	0h	10h	16791	16882	21964	26446	21184	14471	21237	16646	14271	18141	14262	16913	18762	13829	27021	16534	11794	17805	20329	18321	16157
AT4G26640.1	KAS III - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase III	7.53E-01	1.43	116	2	2	0h	8h	61439	74983	107709	96453	74587	69040	120142	69084	114205	110763	57561	67098	71246	74642	79770	85802	117872	118188	96076	63025	78455
AT4G25570.1	PDS1, NPD - phytoene desaturase 1	7.54E-01	1.70	36	1	1	0h	10h	2542	2101	2626	4942	2894	1504	2485	2836	1705	1428	3870	3199	3046	2331	3550	1980	2500	1026	3183	1964	3323
AT4G04310.1	ERS2 - ethylene response sensor 2	7.54E-01	2.55	21	1	1	0h	10h	33642	22592	24606	8116	22453	54282	5760	21647	26995	7782	20040	14221	10359	57642	13999	17014	15629	4760	27848	58996	8346
AT1G77880.1	BTF3, ATBTF3 - basic transcription factor 3	7.54E-01	1.97	187	3	2	24h	10h	7516	22807	12605	21382	15813	66402	45484	31449	71493	30880	27828	43752	58932	34071	37902	16066	36479	30899	47954	56725	59534
AT4G26980.1	ATHM1, TPR-MD, ATMD, TMD1 - thiamodulin M-type 1	7.55E-01	1.20	449	6	6	0h	4h	2582626	2984610	2851570	2208930	2460888	2422840	2437177	2310556	2652071	2252370	2406319	2392750	2688823	2585238	2325459	2035486	2667123	1716695	2260822	2047247
AT4G13060.1	ECT5 - evolutionarily conserved C-terminal region 5	7.56E-01	2.31	26	1	1	0h	4h	2890	6878	1701	5338	4063	14140	838	5840	3829	1863	12134	10603	9887	4585	6792	7812	3216	5380	2670	10010	13830
AT4G13850.1	ATGRP2, GR-RBP2, GRP2 - glycine-rich RNA-binding protein 2	7.57E-01	1.52	25	1	1	0h	8h	39096	48768	89571	80078	34189	40502	65822	55925	55878	87627	93571	48055	59132	43140	48297	42837	72710	60314	78416	64413	53040
AT4G24760.1	Sugar transporter (SWEET) family protein	7.57E-01	1.66	295	7	6	2h	0h	503148	461539	427761	577362	538233	496971	680541	427392	498854	551275	384814	492868	536118	558585	498158	520762	515478	478868	557013	459329	505979
AT4G43570.1	CHI - chitinase, putative	7.59E-01	1.46	385	4	4	24h	4h	2034446	2910073	2343417	1450025	3676647	2033089	3134517	2533172	1658998	2197544	2594999	1547377	2256606	2521887	1976590	2015337	2541979	1470371	3494913	3091233	2199940
AT3G13235.1;AT3G13235.3	ubiquitin family protein	7.61E-01	1.36	341	7	7	24h	0h	125681	192601	196217	235413	207437	139690	247653	215927	136484	215462	163845	145135	239388	153702	223417	193736	168363	180145	264040	171813	259769
AT3G21170.2;AT3G21170.1	3-KETOACYL-COENZYME A THIOLASE-like enzyme, class I a family protein	7.61E-01	2.20	45	1	1	0h	4h	7270	21955	5445	29624	15238	3926	45230	17997	12982	13858	16436	16952	21529	6930	18756	15969	15924	19574	9691	10229	26843
AT3G27190.1;ATG53430.1	Ribosomal protein L11 family protein	7.62E-01	1.33	176	4	4	2h	6h	611822	522784	1254095	805828	744566	1179483	1034994	584929	1052837	927721	548564	578850	1060773	936372	749052	731358	824358	749662	702877	765289	727391
AT4G20940.1	ETHYLPHA - electron transfer flavoprotein alpha	7.62E-01	1.35	157	3	2	24h	0h	24363	58843	74681	74794	51736	57299	75678	58094	54308	76273	43846	78711	54678	59307	67115	62516	55446	62941	82867	65080	65970
AT4G35410.1;ATG23730.1	ATBCA4, BCA4, CAH4 - beta carbonic anhydrase 4	7.62E-01	1.14	453	7	7	0h	4h	923172	904080	1026792	1125330	1078573	758816	1415544	1015638	959472	1108790	1070937	982765	1115971	960582	1023781	1099656	1425555	998865	1183206	1065667	1024957
AT5G47930.1;ATG45710.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	7.62E-01	1.34	130	2	2	0h	6h	270524	276256	418531	257403	278398	326543	373944	206337	325433	353791	168699	257896	398500	354865	292067	388776	305008	231693	245163	289789	294602
AT2G06010.1	ACL6-1 - ATP-citrate lyase 6-1	7.63E-01	1.56	576	10	1	0h	6h	50221	48964	29297	72300	71794	35235	59018	64485	26599	37031	83993	43388	64455	76218	79700	64336	51304	60515	57445	59821	
AT1G22290.1	Amino acid dehydrogenase family protein	7.63E-01	1.16	1026	9	9	8h	24h	1074124	933016	1062761	878795	1027528	938014	1247946	913420	1119293	1222358	886947	1117397	1050724	1198802	1042520	1114661	1178618	955894	1195329	971981	944925
AT1G22780.1	PFL, RPL18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	7.64E-01	1.43	276	6	5	0h	6h	920965	827940	1365560	848833	864308	1355457	1584932	742324	985378	1203799	539133	845468	1588410	1270459	841899	1125852	941364	699175	816815	912086	899102
AT4G03320.1	RNA-recognition motif (RRM)-containing protein	7.64E-01	1.21	376	7	7	0h	4h	313314	380048	252862	184098	156041	274998	422119	318350	254673	335498	317453	318743	343856	347386	311648	384131	329579	315673	414974	351592	320589
AT4G04840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	7.65E-01	1.23	897	17	15	2h	6h	1087876	903436	951202	1117176	1050320	1007790	1176237	729360	865797	940851	658935	989645	823717	902765	1020727	1149488	890344	913199	1076505	732049	1031287
AT1G70580.1	AGOAT2, GGT2 - alanine-2-oxoglutarate aminotransferase 2	7.67E-01	1.48	1414	19	2	2h	0h	56880	37563	28682	33569	33459	46559	68185	35764	45833	34920	33807	36054	30412	41577	36485	40311	44330	31066	44839	28450	49134
AT5G09790.1;ATG01560.1;ATG01560.2	ATMEKK1, MAP3K1 - MAP kinase 4	7.68E-01	1.18	151	4	4	0h	10h	20434	161388	200858	115731	207608	186457	201617	156389	191443	183886	156896	139143	169488	190600	148782	160848	180371	156917	191698	209822	174165
AT4G30355.2	unknown protein	7.69E-01	1.47	67	2	2	0h	6h	359847	507138	415854	296728	401286	437541	247718	553469	391530	309630	402224	417329	448366	365347	525964	405666	430882	385182	433543	691796	472069
AT1G07110.1	F3K9, ATF3K9, FATBP - fructose-2,6-bisphosphatase	7.69E-01	1.73	28	1	1	0h	8h	415	540	1050	718	442	1120	854	687	561	1634	670	973	324	985	590	269	737	1000	1253	510	884
AT3G18060.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	7.70E-01	1.29	784	9	9	0h	8h	752103	699373	1271241	1140542	1165577	1256047	916311	1256047	946803	1042311	968984	882294	1323215	1417493	813121	1096083	1021327	1002408	1080152	980571	1092739
AT3G57890.1;AT3G57890.2	Tubulin-binding cofactor C domain-containing protein	7.70E-01	1.32	39	1	1	0h	6h	112529	86004	89481	74278	104573	115662	134581	76772	94009	73548	113254	94101	81779	74096	79351	71090	88234	133863	82358	83617	
AT3G05383.1	GALS, GALS1 - Mevalonate kinase family protein	7.71E-01	1.29	220	5	5	0h	4h	109711	283751	288730	312146	235182	202347	343284	194288	171278	327009	160488	231682	156752	208631	206001	248434	285837	268453	268486	232716	255305
AT5G42140.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family with FYVE zinc finger domain	7.74E-01	1.37	22	1	1	0h	8h	41785	33594	34294	15006	37649	37963	25388	58907	31762	43378	36341	32439	27208	36674	20925	31444	36531	35221	41851	29895	30397
AT2G05840.1;ATG05840.2	PAA2 - 20S proteasome subunit PAA2	7.75E-01	1.37	491	8	2	24h	0h	110932	122884	135960	191056	156764	70097	203307	133793	85015	167591	145607	134540	200403	131644

ATG28770.1		6.09E-01	4.57	47	2	1	6h	2h	5738	7320	16723	5045	0	0	4086	1196	8884	4446	16730	5	24984	6468	9175	311	12142	2096	593	0	16303	191
ATG31990.1;ATG31990.3;ATG31990.4	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	8.10E-01	1.14	1048	18	17	6h	24h	2496257	2552684	3116715	2925280	2614776	2272422	3020600	2681095	2396588	2890367	2245063	2617950	2671047	2592547	2582606	2689538	2744235	2554607	2577787	2323064	2272206
ATG28830.1;ATG17960.1	Threonyl-tRNA synthetase	8.11E-01	1.26	604	9	9	6h	24h	465376	504328	459803	589861	546443	379061	833176	513365	352571	491617	364621	459631	501383	493881	588292	602605	517644	570708	582379	459787	504744
ATG02780.1	emb2386 - Ribosomal protein L19e family protein	8.12E-01	1.41	96	1	1	8h	6h	79483	63240	231026	152389	91705	245109	234546	86861	140655	157365	305628	100614	199884	154787	156368	135254	151669	133059	131748	128833	155638
ATG26000.1;ATG51490.1	TGG1, BGLU18 - thioglucoside glucohydrolase 1	8.13E-01	1.54	2030	26	23	2h	4h	31821894	46967949	18286391	17199229	28703768	17115477	14555210	27456298	22870160	18804486	30763129	29266600	16264982	31344167	29728409	19151260	40349889	24021549	26100049	27159589	20321699
ATG08640.1	RPL33 - ribosomal protein L33	8.14E-01	1.77	36	1	1	6h	4h	331390	150873	186193	110432	309759	423442	106947	138554	230975	150423	196200	132990	148563	269009	157136	139797	158811	28782	257996	153386	183988
ATG94110.1;ATG44110.2	AT3, AT3 - DNA/ homologue 3	8.14E-01	1.87	89	3	2	4h	6h	511672	544883	229269	1460826	475016	256564	1511095	488267	403853	584295	540389	583865	646255	336400	690151	645484	713715	631643	383127	223914	723420
ATG24610.1	PR5_PR_1, ATPR1 - pathogenesis-related gene 1	8.15E-01	1.65	379	6	6	6h	24h	4468378	4886101	2546777	2195254	3303769	2487915	3089349	3526743	2265533	4678933	3445548	1661209	2907340	5179116	2185008	3955207	3666100	1484012	6509961	4146820	2553453
ATG19760.1	PYNL, PIFI - profilin 1	8.15E-01	1.26	118	3	2	4h	6h	207418	178732	225646	178730	264856	202484	187108	250138	319432	271153	231111	184860	236971	222525	227944	259914	253338	198331	256881	220127	220860
ATG09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	8.15E-01	3.62	29	1	1	2h	10h	2139	1216	1939	0	1881	4170	0	1327	2148	736	1299	1366	315	3031	584	689	588	203	1569	2433	228
ATG05930.1;ATG54340.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	8.16E-01	1.15	1824	26	22	8h	24h	7098678	6497320	6303859	7947390	6801457	6120959	7944194	6795574	6295831	7556552	6561196	6105312	6609697	6636925	6216226	7108748	7105030	6056944	9092706	6751586	6672536
ATG13350.1	Leucine-rich repeat (URR) family protein	8.16E-01	1.22	892	17	14	24h	6h	1610024	1830873	999623	1420887	1609154	1314440	1995143	1410255	1349189	1242608	1476686	1278377	1314391	1281453	1615158	1469541	1700846	1303337	1598908	1748232	1543563
ATG56000.1	ATCSLA14, CSLA14 - cellulose synthase like A14	8.16E-01	10.03	21	1	1	10h	4h	59187	62558	2249	0	85875	34286	0	17466	4556	79163	0	108072	82387	50374	22507	151218	64300	5561	0	29317	64750
ATG47650.1	Dnaj/hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	8.16E-01	1.25	316	5	5	6h	8h	1451264	1267493	1908082	1066254	1625150	1349938	1124179	1505071	1816586	1800697	1519946	1470577	1491546	1300034	1059562	1679152	1863174	1159870	1391025	1751078	1068056
ATG23120.1	Late embryogenesis abundant protein, group 6	8.18E-01	1.33	401	5	5	6h	4h	1754556	2076531	2728491	1509831	1766870	1974401	1702982	1692444	2706182	1587205	1746503	2520214	2071901	836780	2098100	1857061	1417831	1344933	2949950	1502129	1549982	1898455
ATG19510.1;ATG12110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	8.18E-01	1.11	611	9	8	6h	2h	4224133	4239148	5418215	4974896	4010855	3978614	4685865	4425356	4734388	5049636	4409300	4955408	5025090	4350996	4587220	4883221	4981179	4515483	5179629	4626498	4349915
ATG02530.1	ARM repeat superfamily protein	8.18E-01	1.24	192	4	4	2h	8h	158568	194030	214428	186833	211531	187865	209453	134206	212460	212166	125240	225019	168472	173896	130831	166455	189924	185442	208204	190840	151759
ATG74210.1	PLC-like phosphodiesterase superfamily protein	8.19E-01	1.21	30	1	1	2h	6h	3064	4628	4396	3066	4178	4186	4245	4643	4943	3980	6349	3158	4613	4090	4453	3303	4552	4133	4508	4430	4488
ATG39080.1	YHA4, A1 - vacuolar proton ATPase A3	8.20E-01	1.33	23	1	1	10h	6h	7141	11408	6318	4802	13375	8808	9616	6761	10202	8184	7452	9501	9833	11903	8457	12839	7698	12525	10141	9531	9092
ATG79500.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	8.20E-01	1.80	68	1	1	4h	6h	3431	3058	1392	3258	4415	2208	9687	2839	5469	2654	3307	4543	3232	4810	4274	4933	4179	3067	3785	3492	3604
ATG42540.1	CORI15A, COR15 - cold-regulated 15a	8.22E-01	2.49	322	5	2	6h	2h	7026	7374	18447	5240	4063	15714	4812	3405	19564	7155	13239	41795	5333	4092	24222	3549	8740	14424	7940	12860	10874	5635
ATG18020.1	IRD2702 - Kelch repeat F-box protein	8.22E-01	1.42	325	6	1	6h	24h	1922702	143267	403750	298792	204968	399787	486764	260180	364710	330232	245353	237774	327430	285810	221366	243121	366712	319578	268148	197080	286553
ATG24780.1	VSP1, ATVSP1 - vegetative storage protein 1	8.23E-01	5.37	351	6	6	6h	8h	695	8088	6499	3532	4852	1525	757	3918	162	12070	1938	3822	19097	11738	1825	9460	10267	19712	2351	9235
ATG43630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	8.23E-01	1.33	293	5	5	10h	6h	58442	60287	95087	79621	61507	102233	65303	60191	113983	102919	55684	69108	82563	100332	75747	106835	82336	96048	80470	89945	55357
ATG15200.1;ATG15200.2;ATG39850.1	Ribosomal protein S4	8.24E-01	1.27	216	6	5	10h	24h	162863	195312	280490	279744	146575	219481	284071	157982	219468	336469	166666	177025	258317	188594	236313	234056	243075	228760	186775	176814	191772
ATG22130.2;ATG22130.1	PNT1 - mannosyltransferase family protein	8.24E-01	1.69	22	1	1	2h	24h	29284	37443	41988	110244	27906	116059	99194	42131	33292	51875	44634	54641	43415	20948	44300	42851	53514	46252	40096	16947	46521
ATG60270.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	8.25E-01	4.32	22	1	1	2h	10h	1413737	575890	842290	320103	694121	3167204	97939	706979	1701012	395072	333902	445493	250672	2845424	295341	247380	522133	198981	706663	2818827	168230
ATG42790.1	CSY3 - citrate synthase 3	8.26E-01	1.66	115	3	3	6h	4h	55610	42059	7499	16116	47828	44739	18344	35764	15903	21285	32818	34002	34407	33988	47683	39521	31427	44802	27523	31816	35388
ATG05420.1	DOB3A - damaged DNA binding protein 1A	8.26E-01	1.55	32	1	1	2h	10h	7747	5954	3252	6799	6193	7893	7529	8837	2091	3148	6522	4459	4497	5988	7857	2383	4187	6924	4761	5263	6926
ATG36280.1;ATG36280.2	L-Aspartase-like family protein	8.28E-01	2.45	273	7	1	8h	0	7211	13905	4960	1059	2722	10125	1079	4790	6240	3685	6595	3122	2303	3176	4524	4487	1655	7297	1509	5830
ATG03370.1	acyl-protein thioesterase 2	8.28E-01	1.57	62	1	1	2h	6h	15825	30710	31047	28829	30232	20203	27349	38935	40459	31810	18647	57182	37544	19379	33982	39791	56440	19902	27817	42204	32390
ATG43830.1	Aluminium induced protein with YIG and LRDR motifs	8.30E-01	1.30	242	4	4	6h	6h	127714	108985	113644	172962	129078	133136	183137	125020	69553	106363	118287	85465	128697	109761	108342	99874	109491	104007	141148	114457	119867
ATG22620.1	phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein	8.31E-01	1.43	86	1	1	8h	8h	26602	27846	29488	29470	24317	16396	26412	28463	11786	18558	33709	15740	12745	23738	22103	15302	21400	32267	25380	23449	24761
ATG58240.1	ATN1, ATATG1 - homolog of autophagy-related 1	8.32E-01	1.23	159	4	4	6h	4h	731388	712207	926881	678719	674977	923386	847607	795972	829474	887475	852242	764581	772387	784963	875512	852357	787712	1051510	980273	727980	
ATG27690.1;ATG27690.2;ATG53530.1	VPS26B - vacuolar protein sorting 26B	8.32E-01	1.22	28	1	1	8h	2h	17800	23259	24964	27196	21892	17936	25945	18074	17068	19167	15473	20956	20027	29550	15539	23514	
ATG52660.1	Pectin lyase-like superfamily protein	8.32E-01	5.03	31	2	2	2h	24h	95767	4424	6066	1010	10278	144478	1920	14094	27947	0	29033	12746	6429	91555	10043	6833	4360	40684	1894	7651	21241
ATG20920.1;ATG20920.2	EIF2 BETA, EMB1401 - eukaryotic translation initiation factor 2 beta subunit	8.33E-01	1.93	83	1	1	6h	2h	10220	9997	16251	23777	6250	28897	20452	11902	19303	15322	19059	15388	30261	8617	31432	15537	28960	23529	18486	9789	26739
ATG25600.1	ATBBX1, L BRX11 - BRUVIS RADIX-like 1	8.34E-01	7.04	27	1	1	2h	10h	122196	17046	32031	4152	77407	294043	3454	24454	52384	12029	59012	7989	11163	158607	22234	3681	14985	34491	16087	30706	13810
ATG62810.1	AIM1 - Dodycin/Allantoicin/YHG family protein	8.34E-01	1.41	239	5	5	24h	4h	174835	155662	37725	143640	120771	210957	108539	165636	90700	80851	125124	105547	137666	96142	188077	115884	83394	184268	135388	148006	204701
ATG42740.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	8.39E-01	1.22	178	4	4	4h	24h	2882270	350287	640237	493404	358576	584260	513033	357540	572258	523700	322006	405002	561279	494993	468499	466161	491616	438358	446187	367298	435904
ATG47110.1;ATG23410.1;ATG13340.1;ATG	UBQE - ubiquitin 6	8.39E-01	1.18	428	8	8	10h	2h	857193	858411	1364546	1191845	802956	956743	1250351	883942	1153745	1223513	893908	932730	1251153	876286	1056833	1071051	1183282	1218714	1142598	1135356	1119979
ATG58090.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	8.39E-01	1.63	52	1	1	2h	10h	2604	6314	1359	4878	4307	1944	4961	3391	3111	2384	9390	2322	2137	7052	4720	7745	1802	2619	5856	5531	
ATG07920.1;ATG07930.2;ATG60390.2	GTP binding Elongation factor Tu family protein	8.39E-01	1.15	1183	22	22	0h	0h	33013144	39527035	46804475	38228591	36585555	39542142	35239762	36272427	34575324	41704741	27755270	40298662	40434965	34229713	35747327	36890296	31180713	35576561	36515803	40047654	36676234
ATG70200.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.41E-01	3.11	22	1	1	24h	10h	117703	98278	149159	1295	80701	171728	518	82919	164776	52831	62718	60439	28507	218546	42232	44175	56190	21525	87645	269751	21822
ATG53140.1	Protein phosphatase 2C family protein	8.41E-01	1.26	115	2	2	6h	2h	172068	148284	171252	211138	150328	133869	212413	160902	129420	200516	208063	166748	170574	122755	157404	169410	199209	201456	198875	97588	214006
ATG13930.1;ATG13890.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	8.43E-01	1.21	1385	21	20	4h	0h	4739607	4035726	4197370	5453459	4490399	3982920	6294677	4015455	5429340	5686714	3748215	4445272	5356987	5113836	4685824	5830072	5088174	4121192	5858641	4380503	4265766
ATG55770.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	8.43E-01	1.29	20	1	1	6h	24h	129456	222519	143657	142994	162982	132589	105970	148222	175196	113706	136859	156546	114926	135517	194521	105554	208238	164847	164958	180109	182074
ATG57970.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	8.43E-01	1.26	115	2	2	6h	2h	17777	3718	4171	15255	3412	1	12444	5864	0	3446	3624	3051	8693	1284	4269	3858	5086	3596	2498	1093	6250
ATG63890.2	ATHDH, HISN8, HDH - histidinol dehydrogenase	8.44E-01	1.11	791	14	14	4h	0h	1294563	1367812	862420	1121955	1292262	1252833	1351787	1267995	1271460	1214752	1150935	1253283	1197044	1129805	1211179	1232674	1170251	1096157	1150841	1361881	1244463
ATG29190.1	ATCAT2, CAT2 - catalase 2	8.44E-01	11.28	25	1	1	8h	2h	18342	1172	727	0	44458	41283	2169	0	8723	0	14182	4463	1774	0	1383	4463	1774	0	358	19757	441	7666
ATG18540.1	Ribosomal protein L50 family protein	8.45E-01	1.50	181	2	2	6h	24h	1847	892	2161	1939	997	2126	1608	913	1987	2150	1283	1845	2173	2168	1437	1246	2156	1642	840	1437	
ATG56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	8.46E-01	1.23	216	4	4	2h	8h	264863	476841	406628	123409	478806	390170	298850	387009	421527	295228	363534	344555	307865	330543	333174	316887	360153	416278	323644	407673	327726
ATG61930.1;ATG61930.3	ATCAX2, CAX2 - cation exchanger 2	8.46E-01	1.49	146	2	2	8h	4h	34435	59662	78034	85348	43763	33017	66896	46206	47099	45945	42093	58677	52067	18041	52920	39039	47469	62973	53037	42494	70507
ATG77930.1	Chaperone-Dnaj-domain superfamily protein	8.50E-01	1.42	31	1	1	10h	6h	4463	11521	9304	13304	10177	5348	12527	14894	7291	14717	9523	10543	14455	6474	12200	18659	8525	8611	10964	14396	9964
ATG22941.1	Defensin-like (DEF1) family protein	8.50E-01	1.68	24	1	1	4h	24h	18958	8011	20750	13304	10777	13548	17710	26483	7702	16704	23718	27628	19211	11803	12786	13852	31032	17363	8676	24107	15197	9599	11391
ATG71860.1;ATG71860.2	PTP1, ATPTP1 - protein tyrosine phosphatase 1	8.52E-01	1.18	70	2	2	6h	2h	6997	52136	104955	104693	88952	87237	97120	89162	87237	97120	87502	79851	85722	84767	79356	85025	110825	104997	82650	94482	106991	71937
ATG48220.1;ATG48220.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	8.52E-01	1.35	97	2	2	4h	24h	43466	38404	70232	71949	43850	45889	83910	66879	35466	49276	53653	61810	54122	40299	50736	46471	53124	54940	45499	40010	37944
ATG64752.1	MDH - malate dehydrogenase	8.53E-01	1.20	1123	14	12	4h	0h	4063187	3674518	2804486	3790451	3432809	3312794	5215744	3245516	2989984	3047832	3494277	2965552	3159427	3318819	3298408	3139411	3258508	3377239	3669454	3397992	3236270
ATG17650.1	GLYR2, GR2 - glyoxylate reductase 2	8.53E-01	1.15	519	8	8	4h	24h	1042655	1370909	1361790	1140857	1198514	998171	1685154	1464400	1958311	907681	1012492	949899	773701	1064990	888465	848237	973070	882101	729586	731519	949159	879721
ATG21440.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	8.54E-01	1.35	323	4	1	6h	24h	72788	140262	135343	87532	105936	99649	71126	112492	150878	88341	114534	101447	82137	111271	145626	85204	106493	99354	90563	71061	96673
ATG54750.1	CDKA1, CDC2AT, CDC2, CDC2A, CDKA1 - cell division control 2	8.54E-01	1.40	22	1	1	6h	24h	2545	3201	3793	758	3416	4161	1090	3389	5349	4227	1346	3449	3392	3683	4583	4117	3148	3756	2385	3181	2695	2226
ATG07080.1	Thioredoxin superfamily protein	8.54E-01	1.30	166	3	3	4h	24h	210094	166965	59135	160403	182162	200779	182681	181972	165515	134673	181188	180138	175926	150149	178223	204263	110969	174127	121380	248565	195559
ATG51360.1	ATHAM, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	8.55E-01	1.12	343	6	6	4h	24h	2445340	2867011	3022253	2882242	2548780	2833555	2760127	2585265	3270959	3024914	2833762	2597584	2753471	2796979	2820975	2637875	3025124	2817131	2239502	2235738	2568439
ATG20890.1	PSB28, PSB27 - photosystem II reaction center PSB29 protein	8.55E-01	1.25	635	10	10	4h	6h	1454236	1764087	947133	1648054	1426147	1188204	1498547	2071529	1596263	1007963	1970013	1759505	1591940	1543866	1999574	1679382	1108808	1598916	1371827	1223178	1713725
ATG22550.1	Plant protein of unknown function (DUF247)	8.57E-01	1.33	24	1	1	6h	24h	382725	288669	337300	266637	361120	249605	296091	238321	361686	269670	269632	519551	220878	441228	411064	263368	275242	366682	285516	205646	312781
ATG47070.1	unknown protein	8.58E-01	1.30	494	8	8	8h	8h	2353059	2698295	3724079	2237284	2357338	2996608	1908730	2542469	3623588	2488374	1908644	3496834	2257458	2246233	2271400	2093288	2357607	2434217	2003166	3138548	2329858
ATG27870.1	Aldolase-type RBL-2-hydroxyacid dehydrogenase family protein	8.58E-01	1.35	64	2	2	10h	0h	51867	51833	86282	118619	62396	72173	154061	69396	75940	110960	44852	85142	77724	95426	90647	92342	117594	101149	85005	91102	85828
ATG22400.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.58E-01	2.26	43	1	1	6h	24h	1088	2908	4081	8789	3052	3099	5655	6678	1210	3061	6425	2916	6800	1168	2581	2643	6844	8792	3789	955	7376
ATG15660.1	ATGRXS4, GRX6 - glutaredoxin 4	8.58E-01	1.29	69	2	2	0h	0h	40929	45253	70050	26975	52888	47108	36783	50484	60588	53077	36974	38753	38056	37779	53865	44626	41302	66787	43336	52467	49584
ATG55460.1;ATG11420.1	Protein of unknown function (DUF642	8.60E-01	1.24	161	2	2	6h	4h	93707	184313	115351	141226	103998	140158	99591	108223	129461	115575	125509	144107	105903	130724	144291	115531	129056	138227	113823	88315	118796
ATG60880.1	DHDPS, DHDPS1 - dihydrodipicolinate synthase 1	8.60E-01	1.67	31	1	1	10h	0h	11493	7939	10028	1158	8685	11342	2007	8800	9062	8108	7719	5601	2827	9201	6376	6197	7780	3699	8396	8367	5596
ATG25050.1	AOP4 - acyl carrier protein 4	8.62E-01	1.32	187	4	4	24h	24h	4725550	4387226	4261072	5984170	4897695	6020554	3830048	5001384	5709541	4945031	5351702	5282795	7053457	2743415	6098397	6482799	3858107	6022502	2261010	5461551	5074070
ATG18300.1	GAPA-2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	8.62E-01	1.40	2573	32	32	4h	0h	5776038	6615215	2951440	3488617	8779549	8385021	4062711	4863020	4877535	4912240	4313060	6467826	5991025	3276544	4559755	5024585	4401627	4240902	3945808	4268874	5036447
ATG62620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	8.63E-01	1.77	113	1	1	2h	24h	28461	17899	8860	14299	17020	25295	9566	24973	18885	11915	25858	25973	28312	9379	20599	27311	10969	18619	13695	42082	38901
ATG51670.1	EMB2247 - ATP-binding cassette-tRNA lysidine aminoacyl-tRNA lysines aminoacyl-tRNA lysines nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-tRI	8.63E-01	1.34	49	2	2	2h	10h	90058	62613	76740	59589	66429	64913	69312	84193	106470	68812	76400	86027	75214	94672	83519	54273	77312	82040	67260	74617	67466
ATG75690.1	Dnaj/hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	8.63E-01	1.40	142	4	4	6h	8h	40978	36332	62819	72829	83353	36779	26830	66379	50739	45627	45122	47777	62631	52639	15829	48132	31101	49435	68054	40007	17110	64156
ATG24060.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	8.65E-01	1.30	186	4	4	6h	0h	38334	37169	58077	45096	41150	33321	38913	38239	42252	47606	28257	33397	45559	33800	39040	40355	55213	46380	54101	21088	46771
ATG10850.1	GGL2-2, GGL2 - methylesterase 2	8.65E-01	1.21	298	5	5	10h	0h	648318	587279	378907	309205	434277	491458	378689	350946	390642	478116	358889	352239	432631	517311	365106	346072	404229	346571	386784	458426	285076
ATG26570.1;ATG26570.2	PWO, OKL1, ATGWD3 - catalytic/carbohydrate kinases;phosphoglucan, water dikinases	8.65E-01	1.22	565	11	11	2h	8h	345566	486659	593117	705932	499707	458470	647864	530292	411600	487494	500251	606476	514061	357849	493349	514463	414248	547033	464263	446201	575690
ATG57850.1	D-aminoacid aminotransferase-like PLP-dependent enzymes superfamily protein	8.65E-01	1.27	262	5	4	24h	10h	245264	283328	186540	151913	287680	253055	220017	274473	211787	208717	237825	222318	183889	287272	232420	184356	214785	201041	219449	296369	245094
ATG58360.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	8.67E-01	1.45	81	2	2	6h	2h	44022	31096	25805	37432	37295	26034	37305	31053	32679	46656	40882	37987	37978	27334	37861	39577	33515	30595	45708	37848	44700
ATG43940.1;ATG43940.2	HOTS, ADH2, GSNOR, ATGSNOR1, PAR2 - GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	8.67E-01	1.10	1450	17	17	24h	10h	8220793	8462287	7620505	7603370	8844228	7625791	7648844	7717638	7538528	7979278	8000869	7749806	7405855	8592768	7911836	8137378	8030434	7740231	8746731	8247064	9306447
ATG13380.1	BBL3 - BRI1-like 3	8.68E-01	1.57	24	1	1	4h	0h	58375	65845	47530	134547	61371	21362	152946	65022	52784	77178	55160	44152	76453	55040	69929	72943	92359	82402	71827	35797	75752
ATG60810.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	8.68E-01	1.40	297	4	4	6h	4h	218970	230769	526738	292144	233887	431317	244479	216867	398257	434853	316276	282321	356178	307582	310661	302798	288075	255675	248616	254654	
ATG49910.1	Translation protein SH3-like family protein	8.69E-01	1.29	108	2	2	6h	4h	106072	110901	102367	102564	107659	103667	205288	217580	124379	169927	153305	115746	111052	181668	115451	120056	129822	164711	119541	121852	121770
ATG19760.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.70E-01	1.11	1365	17	15	0h	0h	1613009	1677853	1446626	1137877	1798320	1452309	1472487	1438234	1548446	1721142	1384765	1633946	1557854	1515746	1540387	1548375	1412031	1316883	1610359	1401708	1698340	1472466
ATG44920.2;ATG44920.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.70E-01	1.20	508	7	7	0h	0h	1631105	1885390	2087734	1291400	1538594	1823496	1224250	1740387	2245259	1521384	1725591	1678339	1331524	1781896	1577114	1309758	1981560	1588449	1577825	1813372	1541802
ATG52180.1;ATG52180.2	ATSGD1, SGD1, SDH4, ATSDH4 - dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein

ATSG09930.1	ATSGTN2, GCN2 - AAC transporter family protein	9.07E-01	1.23	28	1	1	1	2h	10h	52871	48946	76108	74554	74692	52634	67436	57891	59791	84828	50168	41576	72533	50067	71590	50521	64834	48894	62208	50426	62532	
ATG70570.1;ATG70570.2	anthranilate phosphoribosyltransferase, putative	9.07E-01	1.22	24	1	1	1	24h	6h	36153	25003	44839	22234	44575	31333	33629	27199	39554	31518	32368	32199	26192	40855	33044	34879	37650	25933	40362	41840	35481	
ATG13190.1	Predicted pyridoxal phosphate-dependent enzyme, YBL036C type	9.07E-01	1.50	195	6	4	4	24h	10h	182459	168134	167839	59417	168957	208944	60048	172963	199611	122103	125525	181925	102302	242881	117116	110884	118219	98286	163877	273750	125145	
ATG17040.1	CLP84 - CLP protease R subunit 4	9.08E-01	1.21	94	2	2	2	6h	10h	142320	243802	250706	215650	165880	148766	230013	224385	149418	257690	212876	168680	205562	177745	206809	210580	233606	197716	223894	167203	200567	
ATG25370.1	GDCH - glycine decarboxylase complex H	9.08E-01	1.38	750	11	4	2	2h	24h	2026090	1054459	1219321	881954	2232783	2202844	1052563	1194725	1606910	1258756	1445012	1684805	1372928	1726249	1180447	1424229	1404772	1784930	1276108	1222448	1350236	
ATG21160.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	9.09E-01	1.32	25	1	1	1	4h	6h	21576	28191	7610	14791	19833	24000	21269	28946	16133	11827	18969	19330	8199	17098	26777	17170	23126	24826	11899	18887	19565	
ATG13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	9.10E-01	1.17	511	9	8	7	10h	24h	533955	540395	646557	592834	560236	495762	489622	513551	864371	668184	534428	517033	612198	617741	519684	637746	691664	564104	641244	514090	466836	
ATG28190.1	CSD2, CSD2D2 - copper/zinc superoxide dismutase 2	9.11E-01	1.22	668	8	8	8	6h	24h	8390672	7490448	5998442	8179548	7378945	4422654	7144235	6476092	6857626	8453076	7654070	6467072	8655668	6880979	5283024	7311256	6737422	5141836	8319745	6783704	3475295	
ATG49850.1	TRR3, ATTRR3, TRP2 - ketimine reprod binding factor 3	9.13E-01	1.28	30	1	1	1	6h	4h	282283	273280	310253	106901	281681	343893	132498	250883	280040	305730	248848	219728	216175	356871	222530	201108	272439	209151	287663	245998	172241	
ATG11710.1	ATP9B, S-lysyl-tRNA synthetase 1	9.13E-01	1.29	435	6	6	6	10h	0h	280919	311882	508390	573612	378045	254877	611256	290442	400235	475357	271601	422454	440697	328642	419958	456671	481633	484725	534801	326543	437237	
ATG18310.1;ATG33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	9.13E-01	1.29	92	9	7	4h	6h	308077	471790	501717	671144	302997	431183	460546	410766	457427	497626	358048	547809	484021	340884	449786	537329	371384	687637	442798	491002	441494	
ATG50200.2	ALATS - Alanyl-tRNA synthetase 1	9.14E-01	1.11	516	13	12	2	4h	10h	489147	411614	499692	499469	506783	524606	511126	474959	503306	540425	405737	482882	464272	586190	467000	522832	480007	380992	484448	570696	398757	
ATG55400.1;ATG55400.2	OVA1 - methionyl-tRNA synthetase / methionine--tRNA ligase / MetRS (cpMetRS)	9.16E-01	1.23	185	3	2	2	8h	0h	26550	27749	30389	31407	37160	34015	17469	30015	30764	24055	29783	19903	25213	35156	13930	22871	35753	20493	22202	27914	26339	30339	
ATG62770.2;ATG63770.1;ATG63770.5	Peptidase M1 family protein	9.16E-01	1.12	1778	31	31	4h	6h	6385590	6015634	4634064	5147775	6044499	5070243	7339129	5589353	4980504	5697452	5982838	5413939	5315549	5125275	5395939	5606436	6053567	5302810	6481218	5578725	5453869		
ATG30970.1	ASP1 - aspartate aminotransferase 1	9.16E-01	1.15	244	14	14	2	24h	2h	2280070	2311966	2746906	2200570	2545735	2094453	2623418	2055276	2519204	2753333	1635760	2485587	2367575	2811996	2288170	2847286	2699174	2145848	3259637	2329271	2246734	
ATG21065.1	Transmembrane amino acid transporter family protein	9.19E-01	1.24	132	3	3	3	4h	24h	53949	81039	130022	118524	77745	73354	107275	101295	83871	103342	85466	85966	91674	81259	97410	90202	117122	75677	87969	80060	67479	
ATG09330.1	Transmembrane amino acid transporter family protein	9.20E-01	1.24	22	1	1	1	2h	8h	49211	2872	5232	4611	37287	53085	13229	13585	11030	12090	19147	4987	6586	13600	9098	6693	4258	30560	11272	13404	12429	
ATG18250.1	receptor serine/threonine kinase, putative	9.20E-01	1.37	67	1	1	1	24h	4h	39484	39233	26089	23973	43744	21173	36045	20491	25112	40674	16989	36329	33988	35208	23138	36412	35749	26340	54209	31911	25424	
ATG09230.1	SP1L2 - SPIRAL1-like2	9.20E-01	1.15	104	1	1	1	10h	2h	201885	155625	229130	189096	207237	154981	165899	172695	217831	199100	185426	168921	159105	185600	206147	244412	226768	162806	204667	199179	178644	
ATG35590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	9.22E-01	1.23	375	7	1	1	0h	8h	84222	66199	87528	59874	63365	73574	51376	55725	115137	90839	54394	82870	61750	80642	51333	75094	85319	62775	76439	74056	56556	
ATG06680.1	PSBP-1, DE52, PSI-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	9.23E-01	1.18	1868	20	11	6	2h	0h	82752162	96550018	68848044	61213175	81663431	91684948	63605286	89025136	117837018	82708866	94111849	100986071	71439907	86327227	85880616	79756017	89992213	70585533	70052337	109399572	80790517	
ATG36390.1;ATG55530.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetyl-coenzyme A carboxylase 1	9.24E-01	1.12	226	5	4	4	10h	6h	562608	492319	537378	579755	443769	494877	555234	497271	684327	564872	441717	419963	470425	563017	454105	511373	630027	521026	451582	511546	
ATG18880.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.24E-01	1.23	356	6	6	3	10h	0h	242383	190594	460547	159107	279220	330159	173554	224060	315229	241974	160359	172864	277941	284046	255985	256130	224744	231661	230181	205579	286262	275111	
ATG36190.2;ATG56190.1	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	9.25E-01	1.19	133	3	3	3	4h	6h	30190	45518	73463	49718	65080	48712	58470	46091	73429	48278	50361	50357	53409	58765	50782	67766	42221	57315	68201	44553	55463	
ATG12960.1	GAMMA-VPS, GAMMAVPS - gamma vacuolar processing enzyme	9.26E-01	1.42	58	2	2	2	24h	6h	62418	120037	30908	30460	103288	68313	61655	69757	78057	44339	46832	83458	59567	55924	79054	65365	78899	72865	60602	79944	105970	
ATG15250.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	9.28E-01	1.58	58	1	1	1	4h	10h	3288	5248	13923	8156	5418	11822	15646	6000	6102	14033	6185	3031	8278	11981	6254	3465	7969	5692	9494	4790	6146	
ATG27610.1;ATG21860.1	sks5 - SKU5 similar 5	9.29E-01	1.15	233	5	2	2	4h	10h	453660	332515	214366	124457	374938	344019	363014	268259	285873	335654	350755	282857	373546	314198	325080	319823	308010	279230	388945	323404	309532	
ATG04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	9.29E-01	1.26	1772	27	9	6	2h	0h	101058	151853	120818	139143	112145	103667	185193	116407	108664	214419	133784	98189	125843	128236	138805	108030	143789	152711	183764	125666	114233	
ATG32090.1;ATG32990.2	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	9.31E-01	1.26	212	2	2	2	4h	6h	74571	85242	88594	84280	102025	58306	110209	92478	65118	87131	60290	64720	95843	50582	102040	63227	78248	97966	71640	49349	92199	
ATG10450.1	GIF6, AT71, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	9.35E-01	1.13	1085	15	7	7	8h	10h	1911392	2477416	2275934	2063380	2227269	2536775	1915158	2593086	2152918	2463642	1982118	2013025	2195567	2483185	2332863	2276718	2091377	1842187	1876376	2697342	2164582	
ATG35970.1	unknown protein	9.36E-01	1.60	34	1	1	1	2h	4h	2303	1479	5135	3922	2508	5647	1674	2538	2083	3379	2846	1797	1519	4101	1236	2634	1539	4160	2601	3672	3922	
ATG46580.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	9.38E-01	1.22	29	1	1	1	2h	8h	98650	70332	56588	54490	105518	107730	79001	75009	100956	74699	96489	82575	63800	86276	69580	87830	76600	78068	75780	105486	70618	
ATG03870.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	9.38E-01	2.07	105	3	2	2	24h	8h	4688	4479	2721	5556	5370	10346	1259	7850	8248	2916	3026	8864	4926	1603	4566	4445	1971	7284	1287	12516	9153	
ATG39120.1	HMP12, HESO7 - myo-inositol monophosphatase like 2	9.38E-01	1.47	150	3	3	3	6h	0h	40808	47868	38038	38038	72857	45062	29170	29170	87991	64700	51364	45230	59566	70517	65985	41204	57973	34615	39077	58432		
ATG12290.1	AGD3 - ARGONAUTE 3	9.39E-01	1.53	29	1	1	1	6h	10h	61288	74215	47276	134310	67924	29597	134538	61402	45745	51996	56294	46972	99492	37781	77735	76932	89223	72279	64632	50759	108104	
ATG18380.1;ATGG4230.1;ATG18380.3	Pyridoxal-dependent decarboxylase domain 2-like superfamily protein	9.39E-01	1.36	256	6	6	6	10h	6h	82968	69576	126810	107075	64812	104637	166804	55367	73945	101800	58380	82155	135468	77504	93494	82420	108317	98585	94704	90988	87004	
ATG48480.1	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein	9.40E-01	1.12	158	3	3	3	8h	4h	29068	33048	41014	37793	32665	31463	31223	40097	31951	33013	33193	29187	32796	26409	33363	25874	28065	40041	33794	37517	25361	
ATG36400.1	FAD-linked oxidases family protein	9.41E-01	1.21	121	2	2	2	24h	8h	35813	30781	36465	31691	37562	27496	33766	34915	19547	20909	36766	30645	29335	24932	28003	30671	25689	31646	24670	39546	35206	
ATG15910.1	Insoluble inorganic pyrophosphatase-like salt stress, Knockout mutants are hypersensitive to salt stress.	9.41E-01	1.22	717	12	12	6	0h	24h	13814468	12629441	20816877	11431068	13905330	14976000	10435212	12182771	16451517	12434618	10959034	15716646	14797867	9160587	14870127	12516248	15108032	14488094	9490629	13055333	11581038	
ATG18500.1	MAML-4, PFM51 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	9.41E-01	2.55	388	8	8	1	6h	10h	28154	12236	26377	1605	21850	44114	3260	13595	21040	7953	8341	10191	5085	34103	15389	12854	7149	8985	12141	35166	1852	
ATG15750.1;ATG80490.1;ATG15880.1	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	9.42E-01	1.23	120	4	1	1	24h	8h	14484	12364	14256	12459	13373	16011	10812	16512	12952	6821	12069	20210	9402	12983	11821	11152	12295	15325	11698	19671	11474	13096	
ATG15910.1;ATG62290.1	AIPA1, ATAIPA1, ATAIPA2 - Alkaline alpha A1	9.42E-01	1.18	187	5	5	5	8h	4h	91993	171112	110768	125516	89525	114196	85581	89926	114970	98362	85255	108677	108657	126250	152436	122227	84293	131003	130996	124505	108475	
ATG80600.1	WIN1 - HOPW1-1-interacting 1	9.43E-01	1.09	432	8	8	8	0h	6h	1488305	1326628	1758874	1444814	1648059	1621093	1673052	1442753	1653583	1635916	1305034	1699311	1600572	1697608	1624876	1543930	1680197	1490004	1744575	1378184	1534104	
ATG32060.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.44E-01	1.56	117	2	2	1	0h	8h	26634	31148	39708	22586	25301	47286	20284	21313	50842	36558	26885	36670	41633	10776	35961	26029	22377	48899	14750	34015	42669	
ATG16440.1	IPP1 - isopentenyl diphosphate isomerase 1	9.46E-01	1.22	166	2	2	2	6h	4h	217880	210667	111424	139679	201091	192210	207015	202449	141555	142167	124964	168449	220142	124295	184460	204538	149168	185899	241978	164220	
ATG44520.1	Nagk/Rpih/CoA transferase-like superfamily protein	9.46E-01	1.40	114	2	2	2	2h	0h	90615	84477	113277	46279	110983	119148	70079	80450	124025	67484	86400	109381	57543	112784	70009	78480	72254	60620	56477	143509	64347	
ATG64130.1;ATGG4130.3	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein	9.46E-01	1.31	161	2	2	2	0h	2h	48241	43781	131157	50928	59534	59850	50556	77016	52692	74215	42604	61233	77083	52180	65999	51150	75029	77081	66142	91612	62670	
ATG49010.4;ATG48960.1;ATG49010.1	ATRBC1, BBC1, CRT1 - breast basic conserved 1	9.46E-01	1.28	177	3	3	3	6h	4h	187922	160429	385579	158783	188246	223862	273473	137108	237508	257705	185825	155375	151489	195021	245027	183809	207952	280691	192449	241913	205040	209390
ATG53900.1;ATG53900.2	UPP_PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	9.49E-01	1.09	315	9	9	9	2h	6h	526968	567885	570984	655781	514569	577323	552621	616850	578105	615875	458697	535649	528942	506583	585946	562664	561400	504706	436430	660567	617771	
ATG45810.1	DEAD/DEAH box helicase, putative	9.49E-01	1.34	23	1	1	1	10h	0h	63572	57940	74850	16286	37907	67723	65433	56349	44572	33121	53496	36574	60626	52440	28501	34528	62100	53253	74046	49227		
ATG51610.1	O-methyltransferase family protein	9.50E-01	1.79	23	1	1	1	8h	4h	52647	10328	9287	13241	18128	47445	13431	10758	33512	9584	29200	50144	2539	25109	37967	33549	22951	7387	46586	25177	2561	35797
ATG64860.1	DPE1 - disproportionating enzyme	9.52E-01	1.24	88	2	2	2	2h	4h	117832	134818	133588	77294	137387	183592	125264	122935	120241	91025	132169	118357	97487	116726	108007	114382	146201	106951	174447	118264	95462	
ATG57330.1	Galactose oxidase/kelch beta-propeller family protein	9.53E-01	1.72	33	1	1	1	24h	6h	5842	4056	8644	4587	5208	3399	3988	3386	7035	13458	4481	6881	2200	4789	5098	9244	2469	6212	1697	3256		
ATG01100.1	60S acidic ribosomal protein family	9.54E-01	1.91	51	1	1	1	4h	6h	27406	44414	273972	70327	38149	99651	220115	25736	114577	78143	30220	80151	135502	70749	94482	93824	62282	149336	34028	71825	105802	
ATG76100.1	PETE1 - plastocyanin 1	9.53E-01	1.14	102	3	3	3	4h	10h	10379796	12850197	9254345	8146023	11431877	10639467	9157151	10895572	14050139	9918059	8982961	11370569	10664257	9426693	12234015	11205543	9513971	9095409	6876574	13846730	9113925	
ATG67550.1	Cystatin/monellin superfamily protein	9.53E-01	1.29	22	1	1	1	24h	10h	23448	42566	22962	33255	30972	54219	26001	35905	32794	23848	30486	22027	33771	8296	29700	19662	18230	22354	31121	20389	26148	
ATG10760.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	9.54E-01	1.24	198	4	4	3	4h	24h	408948	424695	201285	323912	442718	290407	417300	436027	288074	391328	419837	267309	356074	437617	279415	408619	404842	302713	297414	336687	284448	
ATG09810.1	ACT7 - actin 7	9.54E-01	1.16	1062	18	5	5	10h	6h	1373813	1946550	2511715	2157336	1894979	1615123	2761426	1972056	1553189	2079654	1654217	1867082	2035487	1872910	2186237	2431709	1884939	2155436	2297552	1757121	2033176	
ATG19520.1	FVE, HC1GL, MS4, NFC4, NFC04, ATMS4 - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	9.55E-01	1.18	104	2	2	2	6h	4h	9764	7047	9662	10244	6461	7672	8176	6006	12102	9512	9389	8411	6639	9564	8062	7534	8912	8116	10352	7432	6717	
ATG47060.1	Protein of unknown function (DUF581)	9.55E-01	9.87	23	1	1	1	2h	24h	123972	0	10622	0	133345	146618	4936	6302	38159	6961	88396	0	12609	55219	10881	0	7061	79286	6789	4995	16571	
ATG62440.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	9.57E-01	1.27	122	2	2	2	6h	4h	15988	40467	57972	49195	32093	33737	30012	42768	34838	47298	36866	52893	30299	42137	47158	41173	42740	29192	44588	49712	25843	
ATG23460.1;ATG11380.1	Adaptin family protein	9.58E-01	1.44	90	2	2	2	6h	4h	5296	11395	15198	7983	12169	12731	20400	2431	5418	8592	4386	16014	5451	8665	8668	7870	4624	14240	8525	12116	4226	
ATG48630.1	RACK1B, AT- receptor for activated C kinase 1B	9.58E-01	1.28	348	7	2	2	10h	24h	40277	39304	121446	94038	47081	60722	92531	52575	81912	97301	23717	80071	65640	48908	82636	88075	88378	68577	87530	30071	73919	
ATG69590.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	9.58E-01	1.14	208	4	4	4	8h	4h	150760	165453	192180	227838	149157	158311	196634	177146	144648	199464	119353	173672	199160	162183	171027	165709	158589	141813	162193	167626	166175	
ATG33610.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	9.59E-01	1.28	28	1	1	1	6h	0h	5822	7314	3358	5532	6899	6941	6811	8543	4655	4269	9978	6918	7304	4549	7367	8918	4733	6530	6314	6431	7077	
ATG48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IIC, 5'-nucleotidase	9.59E-01	1.17	170	3	3	3	10h	24h	55335	50872	40386	42357	48024	72281	81667	38551	47907	54557	51005	61684	41983	71451	36219	51087	61318	60573	58604	38008	50677	
ATG64210.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	9.60E-01	8.64	22	1	1	1	2h	4h	4878	0	3073	0	2631	0	22741	0	2631	0	3555	0	11940	0	4069	0	3067	2330	5968	0	0	
ATG55120.1	TT5, AL1, CF1 - Chalcone-flavanone isomerase family protein	9.60E-01	1.46	84	1	1	1	2h	4h	23125	13715	18833	21305	11755	18979	37115	16031	7316	22612	14945	17913	18765	20934	13665	17299	16720	15929	19180	9738	12595	
ATG50920.1;ATG48870.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, OCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	9.61E-01	1.14	2290	38	31	2	2h	8h	4125895	6885474	6861946	8061705	5623014	6541149	7562616	5412634	6714507	5618340	5615779	6963486	6285215	5892002	5494633	6795578	4454594	7254296	5824721	6965838	5490576	
ATG48440.1	Ribosomal protein L6 family protein	9.61E-01	1.70	406	8	8	2	6h	0h	34370	30978	93933	12057	62434	103959	24410	32310	90755	57245	21058	23907	55923	81284	37061	47553	30805	30017	20830	80109	34093	
ATG43925.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa -	9.61E-01	6.00	30	1	1	1	2h	10h	64343	23874	7954	7534	35103	223304	7255	24678	72689	13619	17383	21267	9194	93755	10681	15882	12987	15429	10593	214207	11919	
ATG43460.1	Ribosomal L18e protein family	9.62E-01	3.69	34	1	1	1	4h	0h	620	1431	2137	9940	1197	640	1470	480	510	2732	752	790	6914	517	2445	3034	2719	2550	1991	369	2761	
ATG51260.1	HYS, TTD 5 - Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	9.62E-01	1.26	22	1	1	1	10h	0h	103930	98191	126376	77839	95210	102123	129621	54649	91204	95100	52198	113132	75908	108370	117266	132893	101473	82753	125513	80189	116981	
ATG19570.1;ATG19550.1;ATG19570.2	DHAR1, ATDHAR1, DHAR5 - dehydroascorbate reductase	9.63E-01	1.24	787	13	13	6	6h	2h	3140957	4106620	2916306	2492291	3194000	2936102	2322711	2512375	3914860	2062904	3489523	5100534	2207543	4227571	4187312	2874238	3230771	3848877	4027675	2444899	3795153	
ATG27360.1	BGL2, PEN2, PEN-2 - beta-1,3-glucanase 2	9.63E-01	1.40	740	9	9	9	2h	0h	3912515	5085950	3288520	2278618	4503798	3058413	4057672	4601653	2332994	5074605	3932047	4734237	3507677	3746019	3140959	4615513	4419911	3229415	5508463	4563782	3650296	
ATG70890.1	MAP43 - MLP-like protein 43	9.63E-01	1.21	311	7	7	7	0h	4h	487145	567298	687063	485379	528176	651409	396657	520600	689483	474235	433784	786959	426300	549965	657108	547395	424771	587710	440388	390607	614009	
ATG50360.1	unknown protein	9.63E-01	2.07	20	1	1	1	2h	24h	6386414	1013048	1138307	760471	3109405	8024663	1338650	1765969	4001476	1576202	4490099	2565055	2192429	5313539	2716006	1790175	1929280	5407451	1541362	1417743	2778916	
ATG50010.1;ATG47340.1;ATG10240.1	Acetyl-coenzyme synthetase 2	9.64E-01	1.13	357	9	9	9	24h	6h	8061008	6167768	6353839	5599592	6886658	5473197	9068228	6767059	7612772	8155646	6945884	7703207	7846154	6828550	7430770	8606919	7771596	8129501	9859897	6471992	7127331	
ATG09520.1	Subtilase family protein	9.66E-01	1.43	129	2	2	2	4h	0h	19694	32173	30483	18894	22595	51621	21340	18894	25557	21456	26376	35969	20918	34849	32387	24023	23639	25712	21884	28908		
ATG49240.1;ATG18780.1;ATG18780.2	ACT8 - actin 8	9.66E-01	1.17	980	17	3	3	6h	0h	1599602	1544637	489514	3995591	1139581	312437	1034444	525848	2872200	3600553	481900	250728	3306575	4039651	1682325	3044274	419764	411664	322845	391370	3640709	3043116	
ATG72400.1	GYF domain-containing protein	9.66E-01	1.92	26	1	1	1	4h	0h	158156	90448	110449	85447	124400	146675	52028	98788	129307	156755	75569	124852	134550	75069	155020	135224	101062	172693	183194	75484	191382	
ATG40520.1	unknown protein; No BLAST hits to 39 proteins in 15 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Pl	9.68E-01	1.19	35	1	1	1	6h	0h	50050	52017	85857	69980	48912	63142	38790	62883	80298	62500	28422	66406	53961	50362	75078	60763	48142	56449	51030	62936	64868	
ATG66410.1;ATG66410.2	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	9.70E-01	1.31	723	10	2	2	2h	10h	530767	411350	385050	265658	510331	659758	312948	318734	577693	400727	433385	391197	350581	449416	393455	434238	343562	315913	404980	718203	285944	
ATG36290.1	unknown protein; No BLAST hits to 39 proteins in 15 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Pl	9.72E-01	1.34	23	1	1	1	6h	0h	28111	35378	106581	48978	34521	44408	30373	60323	74258	58231	41833	64494	58540	36783	42585	66181	34778	59085	39556	46532	40937	
ATG66040.1;ATG66040.2	STR16 - sulfurtransferase protein 16	9.72E-01	1.45	94	2	2	2	0h	10h	60862	53090	89312	43831	42433	95877	30092	42490	118797	51454	37044	69222	29912

Tabelle B10-a: rbohD DD Zeitverlauf 0-24h mit ANOVA p≤0,5 und Max fold change≥2,0

Proteincode	Accession	Name	Gene name	Score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Additional accession	Normalized abundance 0h Replikat 1	0h Replikat 2	Replikat 3	2h Replikat 1	2h Replikat 2	Replikat 3	4h Replikat 1	4h Replikat 2	Replikat 3	6h Replikat 1	6h Replikat 2	Replikat 3	8h Replikat 1	8h Replikat 2	Replikat 3	10h Replikat 1	10h Replikat 2	Replikat 3	24h Replikat 1	24h Replikat 2	Replikat 3
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	3.67E-06	2.73	1127	17	17	24h	2h	AT5G25880.1:ATG79750.1	8155180	9366034	7616476	7130640	7359575	7059659	7452035	7514027	7232360	9351105	9844702	10482803	9672797	12721133	9108730	9985121	11508555	15681781	22972653	18705429	17106796
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPMZ44.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	6.14E-07	5.10	940	15	11	24h	2h	AT2G02930.1	16484719	17850392	12901650	10915100	14366456	12037851	12362878	13009065	12955827	14073411	19405398	16210606	15923035	18172396	13263832	15872269	21740487	32597683	67332604	68135271	54749809
AT3G24503.4	ALDH2C4, ALDH3A, RF71 - aldehyde dehydrogenase 2C4	9.24E-07	4.66	891	14	14	24h	0h		1332563	1295329	1410873	1508963	1272159	1309626	1581378	1580871	1331544	1746085	1679235	2053894	1824324	2140259	1647369	2259873	2137258	4222394	7691753	6264036	4870756
AT4G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	1.12E-06	11.93	763	14	10	24h	2h		914340	836144	719414	665010	686262	649610	692515	716307	673515	1032940	1197422	1214022	1446170	1681481	1227680	1492747	1951214	6357430	9235556	8130651	6500230
AT3G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTU - glutathione S-transferase 6	1.33E-06	15.54	624	10	6	24h	2h		1623541	1474381	1243364	1025532	1276753	976184	1247587	1336365	1105854	1787812	2690284	1906439	2753895	3248296	2365434	3187174	4234212	15388583	17552888	19626460	13771843
AT3G16530.1	Legume lectin family protein	2.09E-05	7.54	473	8	5	24h	2h	AT1G53080.1	1431320	1159746	1170167	1010430	956227	1033016	1080374	906275	909739	1110728	1781590	1908246	1668984	1894541	1561095	1504662	1621324	5085120	9185542	7142431	5524709
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	3.99E-05	22.62	507	8	6	24h	2h	AT3G17760.1;ATG17330.1	32511	46605	56468	31806	31774	38613	34272	49104	41823	49800	63875	167125	82043	136708	85789	134622	150814	1101287	896227	744048	670838
AT5G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	8.22E-07	2.67	650	8	8	24h	0h		1409173	1444691	1402504	1132509	1073254	1222172	1386399	1128130	1251678	1691039	1424535	1960059	1432388	1780582	1763933	1646350	1915073	2224082	3301726	2787855	3056562
AT4G15533.1	PP2R - cysteine ortholuphoshate diknase	1.58E-04	2.72	399	8	4	24h	0h		1092483	772105	1020693	1113766	1013286	1053736	571395	727648	581796	526105	648015	784005	587555	950341	605105	613617	828993	676426	725879	872368	1603615	1510035	1667266
AT3G15356.1	Legume lectin family protein	2.02E-05	7.53	579	9	6	24h	0h		1158380	1624002	1466656	1386239	1305577	1080663	1145758	1347831	1151744	1223558	2111650	1767607	1534602	2331915	1498093	1659830	2202569	5069738	12849101	8411457	6198375
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	4.82E-03	2.71	460	6	6	24h	8h	AT2G39730.2	11802552	8098510	14311351	10447321	13256341	15114041	4967301	5139127	10232006	3350087	7550614	9071247	4712398	4381360	6081624	6991399	7602258	8243259	11668292	14564247	14829209
AT4G05010.1	EFE, ACOA, EAT1 - ethylene-forming enzyme	2.44E-06	4.35	412	6	6	24h	2h	AT4G23810.1;ATG12010.1	1792054	1686026	1571570	1518327	1489619	1349225	1708843	1392298	1325063	1589425	1719747	1970220	2140818	2474764	1911024	2387091	2420286	5037349	7612767	5952734	5408259
AT1G37130.1	NIA2, BZ9, NIA2-1, CHL5, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	2.52E-04	4.06	322	6	6	24h	0h	AT1G77760.1	115585	218677	199991	69439	736782	690966	835406	597540	538413	525414	565018	609514	514072	648258	475841	313063	488910	999982	1039731	940912	1039733
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.96E-06	2.90	394	6	6	24h	4h	AT3G19010.3	432234	466691	361116	384518	424754	421703	421744	381286	425162	590292	523854	383557	719458	695514	608485	754800	988049	1641500	1178880	1228505	1410651
AT1G75040.1	PR5, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	4.23E-03	3.22	372	5	5	24h	2h		858005	1154632	532554	663673	644335	466596	809509	634005	528877	787748	985936	950738	946820	1383155	728651	1083448	1483152	1037760	2718160	1758591	1219225
AT4G35630.1	PSAT - phosphoserine aminotransferase	2.73E-04	2.22	342	5	5	24h	0h	AT2G17630.1	1041082	1046911	828535	676717	669784	850665	859009	788685	720224	997487	843171	1206959	944318	967504	890587	967349	1254254	1439725	1989977	1539039	1373969
AT5G54500.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	2.30E-06	3.62	214	4	4	24h	2h	AT5G54500.2	521802	512886	531643	486317	471543	492158	641790	508683	647593	658929	650357	802783	625226	664851	602454	739117	703354	1343525	1767972	1965535	1522331
AT3G03220.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.99E-02	Infinity	197	4	4	24h	0h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	66648	0	2756
AT2G04400.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.76E-06	2.47	218	4	4	24h	4h		182662	184535	165682	387054	362164	403010	300606	301555	380477	426967	479474	421308	402245	471670	427720	442131	525592	991306	850937	839691	735800
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	4.19E-04	2.16	254	4	4	24h	4h		584641	630272	552556	445491	433537	554131	452941	422354	461455	479831	597649	703790	522925	598020	519123	486657	489806	746295	1039467	823893	1022506
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	8.51E-03	3.47	145	4	4	24h	4h		356551	506904	435313	383084	401775	378004	392115	309439	353656	388895	582740	792121	366769	592803	552821	504052	445483	1601539	1488092	1264006	913399
AT5G49630.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	5.72E-05	3.22	122	4	4	24h	4h		21798	25571	29962	23961	30262	26175	25244	22180	28107	38438	42643	39833	47111	65889	35717	37237	80566	43893	87449	78759	76650
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase 2	1.09E-02	24.95	227	4	3	24h	8h		12108	3812	1866	5938	3095	5059	1485	6127	2680	182	4343	5930	2035	4646	3407	3608	3679	46936	91656	105914	54083
AT3G30810.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	5.07E-05	2.18	119	3	3	24h	2h		647791	700768	669711	451062	575322	605670	573932	525392	615492	574247	754064	727433	747149	544440	618755	688976	699685	606097	1382552	1087426	1086392
AT5G49120.1	ATPRX74, PRX64, PRX63, ATPCB, PRX54 - peroxidase CB	2.50E-03	3.00	253	3	3	24h	4h	AT3G49110.1	1048855	1102935	932691	404681	510410	725042	581178	597175	574307	967997	864765	974317	617137	978899	908872	1002955	1026842	831435	1201267	1302054	1372044	1377186
AT3G14990.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.30E-03	2.40	258	3	3	24h	2h	AT3G14990.2	1395202	1315643	866854	1039267	880125	911582	980736	834495	1027421	1027009	1062124	2178840	1094697	1910913	909506	935853	942048	1079531	2570319	1986875	2248407
AT4G37910.1	mthsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	4.03E-05	2.35	201	3	3	24h	4h	AT5G09590.1	174451	160143	165060	202263	173514	182101	216623	250980	183744	265524	231025	346791	240040	298579	210760	304688	315536	260285	431367	398762	342724
AT4G16260.1	Glycosyl hydrolase superfamily protein	1.36E-04	6.25	346	3	3	24h	2h		171718	143342	164589	114596	137620	126513	153523	102417	126038	110217	249329	306173	197624	222690	159930	171304	221178	271232	1252544	588614	525357
AT1G77510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDI6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	3.01E-07	2.21	147	3	3	24h	0h		116035	126913	119246	137593	143725	139169	159267	151050	145497	184496	193014	208063	223130	199321	177181	181615	218312	220451	307473	243100	249522
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, IDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	6.22E-03	2.86	112	3	2	24h	0h	AT2G29690.1	151686	140685	206273	185199	155124	158462	140490	303693	260306	225602	262450	399436	229668	222204	188082	251567	281127	582999	632881	452160	341985
AT4G16760.1	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	2.94E-03	2.48	182	3	3	24h	2h		309036	347583	153896	184176	223142	216064	249126	198773	223551	293232	317457	418214	229883	236603	259795	273601	276833	381789	642906	411742	492016
AT5G50920.1	CLC, ATHSP93.1 - ATP-dependent CLP protease, CLPC1 - CLPC homologue 1	5.78E-03	2.79	154	3	3	24h	0h	AT3G48870.1	161023	510414	165983	393534	473889	459755	315270	207380	273485	182964	321267	616168	219615	196745	277731	285014	213434	305462	737082	546036	492016
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	2.46E-04	3.16	108	3	3	24h	4h		227721	259326	206082	241430	165321	208365	176291	167232	165394	268209	259153	302093	265517	232014	269542	212137	289707	399585	749660	420119	419213
AT2G13190.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	2.63E-04	2.30	200	5	5	24h	2h	AT1G06020.1:ATG06030.1	237900	292750	226644	193287	188537	177699	206744	181058	216844	243438	263718	425896	217555	228389	219358	231041	235307	259997	532636	357654	399186
AT5G48540.1	receptor-like protein kinase-related family protein	8.32E-06	6.68	198	3	3	24h	4h		92708	93986	111805	58365	66604	88235	100947	74170	115863	99148	109710	146758	138571	205540	138927	210073	160564	178093	313339	307099	453560
AT3G06860.1	MFP2, ATMFP2 - multifunctional protein 2	1.29E-02	2.03	165	3	3	24h	4h		110993	125186	89189	75724	93172	101439	98257	87066	74700	71470	100712	162734	107387	116500	100684	94815	107858	104032	199628	174170	153122
AT4G34200.1	ED4D - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.36E-04	2.71	189	3	3	24h	4h		185346	132172	170464	211199	217472	185965	167380	205152	229468	196934	290645	230268	314253	281233	222518	222359	228474	269337	523678	455665	345214
AT5G17380.1	Histone pyrophosphate superfamily protein/quinate dicarboxylase family protein	1.16E-05	5.17	165	3	3	24h	4h		150666	145163	89867	110555	110455	108866	85321	138544	128156	208259	127751	136358	120984	104877	202891	218693	173881	454496	499063	388004	327013
AT4G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.39E-05	8.62	187	3	3	24h	0h		47040	27499	33388	51149	56427	41465	49379	56951	36203	19384	56241	51701	63420	63720	47840	54539	29789	68569	322752	308292	299011
AT1G27020.1	unknown protein	2.10E-03	5.93	178	4	4	24h	0h		36976	26489	20608	36149	26468	25962	24258	31359	29020	19966	25514	40187	24230	36103	25607	30215	29506	168628	165114	225027	108627
AT4G38860.1	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.32E-02	2.31	66	2	2	24h	4h	AT2G38860.3	655350	580687	647413	620975	527583	418897	397753	731705	449004	562863	529078	611958	452832	474844	345525	427384	900246	988701	1166641	1020399	750237
AT3G52930.1	Aldolase superfamily protein	3.71E-02	2.65	107	2	1	24h	0h		383971	252816	192266	150266	241114	146780	179759	136344	178004	101733	69280	208229	130550	177899	93120	61030	91797	180541	229064	226831	427611
AT2G21620.1	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.45E-03	2.23	140	2	2	24h	8h	AT2G21620.2	385580	398931	289526	268931	277428	319435	289325	219296	328448	278657	262694	350489	260408	156994	266263	256813	288185	303871	526081	481499	529795
AT5G15840.1	Ribosomal protein L21	8.02E-04	2.34	116	2	2	24h	4h		672919	712536	700430	408929	423204	534025	454884	422716	366568	460409	296918	396113	480597	408765	369357	369452	526437	808825	804155	749893	541743
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	1.16E-02	2.14	105	2	2	24h	4h		602098	798486	629859	520043	460042	559976	392274	290109	389860	482801	477858	910988	398723	448762	568080	428582	455412	627284	859715	607986	829313
AT2G44350.1	ATCS, CSY4 - citrate synthase 4	9.35E-06	2.28	78	2	2	24h	4h	AT3G60100.1	218022	372502	273077	219292	265270	256310	230338	198996	227651	283586	323718	314283	239613	229851	251485	291637	274456	280531	426159	465565	360543
AT5G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.01E-04	2.06	49	2	2	24h	4h		427988	442009	418078	384281	419266	390389	451203	452574	449148	481985	528421	564028	452004	445166	462367	500406	525852	563399	1084453	763204	610736
AT1G18210.1	Serine-threonine/tyrosine-protein kinase catalytic domain	3.72E-03	2.11	177	2	2	24h	8h		630598	598815	422032	454690	512362	508480	559607	587913	532122	574469	567227	579624	524063	386886	457255	525408	723857	977307	1288585	938398	774657
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	3.75E-02	3.55	156	2	1	24h	6h	AT5G38480.1	247378	160077	94682	123309	158833	224602	175166	65131	117547	88201	86754	43463	87518	155290	161285	75062	44933	130287	344005	149130	281184
AT1G22300.1	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	3.89E-02	Infinity	146	2	2	24h	0h		0	0	0	0	1093	673	0	4165	0	2977	6521	126964	2821	0	0	0	3449	5660	120481	5152	12581
AT5G44840.1	PAD4 - Alpha/beta-hydrolase fold-3 family protein	1.12E-03	2.46	61	2	2	24h	4h		142961	148705	104325	114382	115872	48644	95711	115214	104060	95060	102128	203051	109227	221053	143614	86539	82381	89765	50304	105720	225553
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	8.72E-03	2.27	227	2	2	24h	4h		391666	426582	335808	278227	266513	361748	331130	321228	372112	436373	351851	469418	433450	574433	434731	388381	428809	807362	853231	711363	494067
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	1.40E-02	7.20	74	2	2	24h	0h		15525	31871	18197	16604	8955	22259	18600	4341	17095	13915	6469	30346	12089	26405	17005	32135	20378	169617	90438	119633	78373
AT2G05710.1	ACO3 - aconitase 3	2.86E-02	2.06	101	2	2	24h	4h		62223	68707	49322	61156	52816	59535	49584	47229	45523	49402	68521	82511	62370	51089	64428	85612	68510	60737	119268	85149	69499
AT4G21580.1	oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein	1.98E-02	2.11	78	3	2	24h	8h		110873	120865	119199	109206	116597	112767	75519	89801	114592	77324	91495	159290	107074	78925	90265	95368	107643	160480	187644	150844	244265
AT4G15420.1	EIF4A-2 - eIF4a-2	1.31E-02	2.36	70	2	2	24h	4h	AT1G72730.1	229063	121298	242255	305933	350771	302359	153230	114650	230007	144604	240606	256843	148796	246647	185259	119010	136767	242716	370659	461951	341583
AT4G21210.1	ATBFL, PP1 - PPDK regulatory protein	1.45E-03	3.11	116	2	2	24h	4h	AT3G01200.1	61622	54104	85361	149074	151454	175116	106791	93114	81347	92572	134406	122110	107392	112432	96821	142847	108601	166520	330043	152680	142749
AT3G28940.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	4.16E-02	2.77	115	2	2	24h	0h		546912	399568	212402	200336	447175	436127	540002	259668	355978	416547	370374	814066	492037	544254	569602	363399	254844	324400	1119993	650009	447033
AT3G13460.1	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	1.50E-04	3.99	90	2	2	24h	0h	AT5G61020.1:ATG13460.1	13751	16946	26786	37754	31880	40156	43346	74537	54805	43997	44922	87864	69008	86856	65947	63940	45593	79308	79559	63304	86485
AT4G37850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	1.03E-02	2.30	159	2	2	24h	4h	AT1G78860.1	161686	154380	135735	131240	109477	93730	62111	83067	124190	100000	145585	133568	98377	108113	156907	99995	114492	163320	234507	207624	177045
AT4G29010.1	AIM1 - Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	1.39E-02	3.07	62	2	2	24h	4h		41615	63294	36315	37612	19707	34553	39375	44970	31656	21853	20881	45045	33175	41056	55081	34128	48478	74067	126233	70846	72695
AT4G19410.1	Pectinacetylesterase family protein	1.64E-02	2.54	125	2	2	24h	4h	AT4G19410.2	93226	188084	114306	61262	43147	82811	98720	43299	72991	64702	114619	135185	114274	145917	178380	91984	133073	197426	159212	173815	142254
AT5G01900.1	IDH-I - isocitrate dehydrogenase V	3.12E-03	2.70	133	4	4	24h	4h		140703	76334	110832	87771	97979	89863	50830	67988	86746	86453	108498	95252	66174	66539	62381	89765	50304	105720	225553	169909	137534
AT5G17940.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	2.15E-02	2.41	59	2	2	24h	4h		48838	69818	72257	14439	26005	48101	50540	34465	38127	58325	55997	57329	52362	31728	43975	56445	52813	59361	100125	62330	51114
AT3G24170.1	ATGR1, GR1 - glutathione-disulfide reductase	8.73E-03	2.00	150	2	2	24h	4h		186453	205014	138665	153789	123729	144817	171998	140821	127307	241612	163696	300226	182158	196562	148003	179181	181533	180668	367253	256582	221640
AT3G04030.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.20E-02	360.93	85	2	2	24h	4h		192	371	182	38	0	42	2	1408	101	0	185	0	109	226	2594	91	77	149	1938	11187	13659
AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein	2.28E-04	13.74	67	2	2	24h	4h		15777	24815	19808	23842	24360	12879	11370	26399	11006	9063	19950	26501	24018	19861	12422	3297	38948	208887	221563	237421	210978
AT2G43590.1	Chitinase family protein	6.54E-03	5.29	147	2	2	24h	4h		77817	83346	38653	75050	54739	31711	49682	47500	51963	95391	93988	119941	89968	113455	37551	80543	159853	117682	326980	352618	109028
AT5G61160.1	AACT1 - anthocyanin 5-aromatic acyltransferase 1	5.81E-04	15.58	117	2	2	24h	4h		23308	20023	14236	13640	22482	19836	16588	23050	13927	18605	22683	8810	18766	79172	25948	22952	42549	244946	308205	293226	179091
AT4G23950.1	ACD11 - senescence-associated gene 13	1.24E-05	12.62	148	2	2	24h	4h	AT2G29170.1:ATG29350.1	32275	18200	16476	26424	23731	31632	27583	38269	31006	51390	39816	51181	31988	39996	44510	40581	40082	57776	374212	178222	244366
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	3.09E-04	2.50	76	2	2	24h	8h		89177	57363	67044	85449	66898	62760	46918	37116	50758	41402	51534	63020	33979	36602	53285	48421	44355	59971	92410	108939	107767
AT4G20830.1	FAD-binding Berberine family protein	2.95E-02	5.56	119	2	2	24h	0h		5058	4101	5311	4431	6781	14904	5324	5546	4364	6529	23815	8573	8386	7756	16450	8114	7848	33363	13359	27992	39151
AT4G25660.1	embr2410 - embryo defective 2410	1.56E-06	9.39	23	2	2	24h	2h		157747	194260	144898	144059	161302	144152	150568	182578	152810	134944	421663	237256	330684	392003	266643	476837	548084	1655516	1344121	1668660	1181249
AT4G27830.1	ATGSTU19, GSTT8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	1.79E-02	2.29	75	1	1	24h	8h		694820	718289	496268	408725	534064	557421	446311	322188	318715	250557	323414	445508	323024	383215	172050	225288	295386	424235	465554	526939	1021791
AT1G65230.1	Uncharacterised conserved protein (DUF2358)	1.25E-02	28.84	25	1	1	24h	2h		125951	83477	49738	66767	117261	29568	101240	151274	59356	28024	52639	5552	45956	64193	316160	69137	107608	3321150	379404	4178466	1601794
AT5G07710.1	Ribosomal protein S11/S15	1.57E-02	2.33	41	1	1	24h	8h		268180	282535	403372	272246	239991	261543	318056	438959	256453	331808	359285	284606	410496	337227	214773	266272	276261	185431	365262	496856	209552
AT4G10630.1	ATARFA1F, ARFA1F - ADP-ribosylation factor A1F	2.83E-02	3.21	72	1	1	24h	0h		559333	437525	447704	260217	397799	415010	317413	205565	280177	137053	211329	578128	227883	235124	282828	97979	144193	292688	684013	371465	660225
AT5G14310.1	ATPME3, PME3 - pectin methylesterase 3	3.19E-02	2.06	45	1	1	24h	4h		581592	619525	869966	444674	561895	529073	574946	771177	622697	533335	992066	1230424	864333	1145504	1196423	913613	816912	993694	1221772	1177954	763636
AT2G29170.1	ABC-dependent synthetase and ligase family protein	4.10E-04	2.28	29	1	1	24h	4h	AT2G29170.1:atG29350.1	90966	73594	47800	54631	37314	60259	54491	41803	41962	51283	62387	53261	44566	47902	38905	50917	53188	57799	82255	85686	86190
AT3G04720.1	PR4, HEL, PR-4 - pathogenesis-related 4	3.09E-03	8.42	50	1	1	24h	4h		229312	414520	125254	142800	198802	141280	133103	158472	132133	209644	545389	210641	137831	478401	201320	179011	376717	258397	1815024	1173417	578367
AT4G23310.1	GGT1, AGAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	5.49E-03	6.99	98	1	1	24h	4h		248115	348832	176356	96570	143676	248412	114455	69025	101724	77176	77321	18093	64126	110030	61681	72624	78150	109414	124989	109784	85065
AT2G25800.1	Protein of unknown function (DUF810)	1.70E-02	2.12	122	1	1	24h	4h		654268	1177754	687802	426764	493345	640023	529726	501839	268682	415023	294472	848176	594948	958486	797541	888174	759521	788620	786240	882666	1091607
AT5G01250.1	ATFX - ATP synthase subunit alpha	2.76E-02	4.89	35	1	1	24h	0h		182579	230292	241854	85322	231937	92800	183673	64450	146113	68881	87343	161188	64725	83718	83301	46195	31764	91266	123052	148752	156596
AT4G04690.1	KAB1, KV-BETA1 - potassium channel beta subunit 1	2.03E-02	3.07	21	1	1	24h	4h		348699	395606	275456	171460	186222	259197	228782	120904	160862	92093	117664	275815	129761	152697	152627	119425	186941	191392	213842	189513	249649
AT3G13120.2	CYP20-2 - cyclophilin 20-2	1.43E-03	3.74	37	1	1	24h	4h	AT5G13120.1	321232	358825	144473	296

AT1G06680.1	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	4.95E-03	3.11	94	1	1	10h	0h	128613	98074	97249	206622	125874	140905	88231	222022	195350	261335	127991	127462	296724	254500	200982	380079	378740	249924	137177	115026	91880			
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	3.97E-03	2.53	51	1	1	10h	0h	13228	13858	15226	23666	27514	23101	19879	26799	18791	24977	30955	38513	44021	35347	23327	33123	50496	23428	32577	30207	24655			
AT4G24710.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.29E-02	6.50	28	2	2	10h	24h	34980	20265	34468	61874	70890	31673	69098	72790	45628	70523	57996	6834	76571	58472	58814	82959	97098	32261	3730	7288	21641			
AT2G47390.1	Prolyl oligopeptidase family protein	2.62E-02	6.11	28	1	1	10h	6h	15469	6205	19624	27353	11539	11474	18260	7523	25442	4173	4210	300	9387	1934	8014	19311	19890	13826	5429	4341	8926			
AT3G12020.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.85E-03	2.69	26	1	1	10h	0h	6406	4918	11204	20335	22560	13168	15011	20009	18167	13606	6890	11015	17226	21062	13164	19049	17242	24233	8346	15972	5847			
AT2G05920.1	Subtilase family protein	2.74E-02	3.09	53	1	1	10h	6h	7119	9386	10475	9450	7443	6606	8143	7628	14306	6167	4268	5238	25507	10650	7816	13450	15349	19687	7981	14811	7015			
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	1.28E-02	53.53	41	1	1	10h	6h	13205	14132	1891	5104	7707	3098	7369	0	0	0	0	854	9235	2409	3424	27045	12864	5790	3901	2223	8874			
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	2.44E-02	Infinity	76	1	1	10h	6h	2639	0	1784	8652	12089	2905	2933	3375	10141	0	0	0	0	4237	0	4140	15088	8091	0	9366	1930			

Tabelle B10-b: Summe aller Proteine aus dem Zeitverlauf-Experiment mit rbohD DD

									Normalized abundance													
									0h		2h		4h		6h		8h		10h		24h	
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (e)	Max F change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest Mean	Lowest Mean	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 1	Replikat 2
ATSG17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	1.60E-07	2.87	323	8	8	24h	4h	527450	545993	434428	467349	459959	496437	472497	447678	396442	515321	543366	490136	459442	555710	401804	501276	606445	681974	1203003	1364191	1210804
ATG23450.1	ALDH22A, ALDH71A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	5.29E-07	5.14	804	14	14	24h	2h	1184020	1208942	1176906	1240357	1134261	1136490	1344622	1313820	1137342	1523328	1436435	1822545	1616727	1773637	1444119	1944386	1930194	1865969	7473760	5945024	4621241
ATG02520.1,ATG02930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	7.74E-07	5.30	780	13	10	24h	2h	1106740	1207634	8483274	6979058	9635009	8217402	8143866	9236619	8454267	9862847	14513367	10984453	11179160	11537490	8814802	11330599	14823221	23952716	48241610	46959418	36480547
ATG02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	8.77E-07	11.57	762	14	7	24h	4h	820446	777132	691624	664219	604466	710006	650598	694433	564615	1016381	1144490	1141663	1396232	1592871	1126093	1467902	1916694	6005110	8392861	7631209	6069015
ATG05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	9.80E-07	2.90	126	3	3	24h	0h	45407	46016	40785	71461	90981	79723	80018	68958	72087	89573	79823	73914	72415	76469	86041	68829	78323	70712	117549	155326	110772
ATG54854.1	receptor-like protein kinase-related protein 1	1.91E-06	7.07	289	5	5	24h	2h	110794	109538	124320	69260	69506	96094	116361	79748	121248	115577	129293	144153	145895	221000	208675	227959	172854	397117	479156	675389	505798
ATG03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	2.78E-06	2.45	954	14	13	24h	0h	1659673	1842228	1678156	1430530	1564762	1502861	1599679	1308445	1536293	1837165	1619483	2104727	1646597	2124432	2093652	1889933	2148272	2618594	3863240	3199860	3486083
AT1G21130.1,ATG21130.2	O-methyltransferase family protein	4.27E-06	16.44	604	10	2	10h	2h	73780	31603	58555	51866	67249	45236	128601	62662	94814	328661	233039	120911	312634	455818	197037	446875	568696	1685882	845523	783466	514188
AT1G05010.1,ATG12010.1	EFE, ACD4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	5.68E-06	4.95	461	9	9	24h	2h	1374971	1262122	1140619	1040637	1097976	1038361	1340739	927701	980425	1124609	1200931	1539083	1677328	1908850	1414883	1698413	1818663	4023154	6348162	4799333	4570240
AT1G17745.1	PGDH - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	5.98E-06	9.14	194	4	3	24h	0h	47991	27602	40841	51263	49343	42135	51950	49355	44018	19785	53482	56369	59175	69927	49942	57408	30328	72644	388014	340917	335744
ATG02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	6.43E-06	11.69	506	12	5	24h	4h	484462	463772	481109	351046	456413	310476	375961	495745	429326	558332	743514	438536	873284	902962	601839	915381	1237621	4480967	4110887	5043677	3911462
ATG19102.1,ATG19010.3	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	7.56E-06	2.89	322	6	6	24h	4h	414767	455008	316269	344577	390347	396551	353916	335747	332695	578594	488453	393724	640824	619284	573940	676704	907090	1458821	1021047	1122234	1051390
ATCD0076.1	RPL136 - ribosomal protein L36	1.10E-05	2.12	28	1	1	0h	4h	1000103	819801	1048329	481310	539051	503543	485471	409131	457538	580305	488874	585546	570274	544122	505846	641380	752694	697602	711662	692432	526523
ATG11670.1,ATG79750.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	1.30E-05	3.01	1377	19	14	24h	2h	6184036	6964485	5981035	5026023	5864221	5181757	5725859	5609459	5451332	7031317	7334136	7769210	7299751	9566530	6752786	7157461	8528129	12176932	20583349	14290166	13548756
ATG02890.1	AIG2-like (avirulence induced gene) family protein	1.36E-05	2.32	369	5	5	24h	2h	1273524	976940	979792	851842	1165125	1004984	1218189	1016425	1232756	1106986	1244208	1316913	1410217	1532392	1410091	1286376	1117144	1450382	2682247	2186283	2134615
ATG01350.1	ligume lectin family protein	1.70E-05	9.63	603	10	8	24h	4h	1743657	2412664	1750392	1858835	1566708	1396623	1452313	1703224	1474461	2066608	2978665	1873939	2031643	3063112	2059693	2199724	2933281	7966006	20670958	13986083	9957549
ATG54500.1,ATG27270.1,ATG54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	1.75E-05	3.08	127	3	3	24h	2h	513712	525055	504690	542413	479290	479330	606918	512671	637285	646077	595071	681783	531074	644132	566865	667676	703131	1400153	1509976	1698209	1414671
ATG16530.1	Legume lectin family protein	3.00E-05	8.15	574	8	6	24h	2h	1346231	1446790	1035953	919169	813770	956491	1110968	823258	778050	1013645	1628085	2076151	1548788	1720629	1555241	1388059	1541106	4785811	9574677	6815299	5684174
ATG26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	3.91E-05	10.04	87	2	2	24h	0h	6508	8080	4771	9989	16162	6295	5845	14796	3737	13486	8948	9111	18809	17114	13047	23312	28975	56612	79363	63509	51631
ATG63180.1	Pectin lyase-like superfamily protein	3.99E-05	8.06	27	1	1	24h	2h	10008	10519	6566	10666	8288	4958	8345	7949	8323	6771	14623	17739	13267	19011	7714	18216	16563	13516	70242	81962	40445
ATG43563.1,ATG21763.0	PSAT - phosphoserine aminotransferase	5.42E-05	1.91	385	9	9	24h	2h	1071839	1206600	991247	922107	952208	1014540	1067172	957321	886057	1111113	1167547	1246992	1118240	1156745	996739	1178740	1260630	1560821	2195194	1722633	1589015
AT4G30530.1,AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.68E-05	2.11	148	3	3	24h	2h	398113	422919	380809	360175	344741	403473	409628	349733	500119	609841	547637	622364	603100	691307	559428	690527	695251	882359	947488	702789	690840
ATG09840.1,ATG53230.1,ATG03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	5.83E-05	1.64	1028	18	18	24h	0h	3806566	3584684	3621510	3649481	4095282	3640270	3990502	4258891	4707593	3767251	4376434	5280907	4116660	4301428	4699002	4768380	6831617	6125195	5153546
AT2G38860.1,AT2G38860.3	YLS5 - Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.90E-05	15.12	60	2	2	24h	0h	16829	12608	16291	10703	9059	7172	17692	25818	11924	27104	24496	23722	15020	45464	26160	34815	34732	134910	193478	133079	80615
ATG02010.1,ATG02000.1,ATG17130.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	6.13E-05	12.47	737	11	7	24h	0h	118757	76453	190236	133329	115081	143850	183650	185096	159059	252161	177664	265995	205995	364934	279092	422294	408418	2134091	1859450	1592897	1353740
ATG16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.49E-05	4.88	235	3	2	4h	24h	164846	193706	146380	192353	183928	103776	253537	170514	171629	193002	136918	223298	137359	181842	138350	135203	83833	66929	43419	52610	26130
AT1G37130.1,ATG77760.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	6.96E-05	3.46	392	9	9	24h	0h	246531	275274	560407	858240	961187	864948	1022715	730155	716503	805933	785654	924844	642075	614474	673774	426091	555334	636606	1268534	1347786	1127090
ATG31390.1,ATG06020.1,ATG06030.1,ATG	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	7.43E-05	2.32	296	5	5	24h	4h	174329	198813	187698	178583	150613	149289	172755	167818	195054	193078	144783	207027	137662	130464	172261	194253	200380	229902	399381	353256	270121
ATG41626.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	7.51E-05	10.97	172	3	3	24h	4h	60691	68688	74353	82599	69112	34321	31670	76882	42542	33157	109448	38070	70002	91977	49452	60487	89271	135769	767102	434980	456515
ATG27130.1	ATGSTU13, GSTU2, GSTU13 - glutathione S-transferase tau 13	7.59E-05	1.66	196	3	3	24h	2h	710435	745531	788754	635806	592842	811268	702337	632802	713497	781467	940784	871052	791465	911259	912327	776152	850433	895053	1106857	1139276	1144793
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	8.05E-05	2.08	560	11	6	24h	0h	424851	457111	411155	527512	394985	410885	455837	564901	398792	552552	548494	450287	453406	609981	461216	571090	728157	582615	967654	846146	777913
AT2G29350.1,AT2G29170.1,AT2G29350.2,AT2G	SAG13 - senescence-associated gene 13	1.03E-04	18.94	210	3	2	4h	24h	28741	17346	3778	18732	16754	30554	14795	41008	17734	53962	37885	4021	13754	46735	30020	34258	35205	42982	327501	350545	266177
ATG13460.1,ATG13460.2,ATG13460.3,ATG	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	1.36E-04	4.69	172	4	4	8h	0h	17803	31964	61228	74846	65338	78471	83685	145863	124335	88311	110682	85042	153610	211506	155730	166626	115440	203791	121793	141300	180539
ATG14990.1,ATG14990.2	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.56E-04	2.20	448	6	6	24h	4h	1875104	1773669	1219916	1545781	1149024	1434822	1498400	1238451	1480295	1438949	1354925	2057836	1559780	1448294	1276441	1346573	1940012	1516952	3529423	2631999	3141870
ATG51420.1	Aldolase-type TIM barrel	1.58E-04	1.73	463	6	6	24h	4h	605389	570554	550568	453066	466811	551644	568503	452491	554447	568203	444489	533038	494882	441804	507088	462650	434045	416514	558617	699744	782502
ATG64710.1,ATG64710.2	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	2.02E-04	3.44	78	3	3	4h	24h	212452	229905	177005	211857	133867	186292	167770	131936	145563	246882	239295	220899	244028	217849	237674	189429	270735	361635	713117	399423	417244
ATG43420.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydratase family protein	2.20E-04	2.12	400	7	4	24h	0h	449241	398471	510235	562778	500967	540026	430916	483314	589910	513861	724871	563910	628895	693991	608783	503223	543475	621784	1020658	1087436	777492
AT4G24161.1	alpha/beta-Hydrolases family protein	2.29E-04	4.95	22	1	1	24h	0h	30167	31795	33891	20559	19960	19760	21324	23323	24550	33822	35646	43931	24213	58367	42877	28387	42503	71794	151288	85479	103683
ATG53480.1	ARM repeat superfamily protein	2.30E-04	2.00	310	6	4	24h	4h	286102	211825	264539	338262	256549	278566	211219	195490	222701	201390	303644	224649	205197	214648	234200	205912	232241	263630	447385	426487	386320
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	2.56E-04	1.60	814	14	10	24h	0h	1867134	2002651	1846937	1947255	1700684	1808468	1827378	1932684	1934380	2363683	2071004	1888373	2168450	2397465	2086125	2158727	2230152	2836298	3291192	2717229	2824710
AT1G04910.1	AKR1, ATGCR1 - aldo/keto reductase family protein	2.68E-04	1.29	283	5	5	8h	0h	547097	509676	515737	534673	563648	562442	563842	600567	643882	685512	689801	622815	690228	689754	654916	621362	661788	662213	630478	537485	
ATG53890.1	Thioredoxin superfamily protein	2.84E-04	17.89	89	3	3	4h	8h	13284	25673	19073	22933	26066	11800	9660	24997	8847	9076	20657	28709	22204	18842	11655	31718	37821	28725	214996	285588	277793
ATG20610.1,ATG20610.2	SUR1, HL53, RTY, ALF1, RTY1 - Tyrosine transaminase family protein	2.91E-04	1.59	346	6	6	24h	2h	477143	405268	419268	389331	423733	433547	364712	447133	468646	456793	487744	620816	490824	498721	493411	535513	541148	509746	678336	615250	688750
AT5G01070.2	PRD1, CLP1, SUH1 - ATP binding	3.17E-04	22.88	373	6	3	24h	4h	20002	6401	10936	19773	8183	11674	10784	7302	8638	5489	11652	9882	8815	10315	10266	10139	8580	7038	14236	185172	107533
ATG05780.2,ATG11270.1,ATG05780.1	RPNBA - RP non-ATPase subunit BA	3.28E-04	1.53	155	4	4	8h	0h	291661	334856	256693	314760	291951	300697	296537	272455	285177	309441	306426	290896	244612	238024	237065	234510	247568	265807	354534	324133	418962
ATG05710.1	ACO1 - aconitase 3	3.51E-04	1.36	1392	26	16	24h	0h	4011898	4510527	3809716	3822232	3580484	3817852	3709953	3895812	3687421	4364309	4230141	4520845	3857469	4177272	4413443	3926471	4351385	4124173	5559503	4893278	4807281
AT1G64550.1	ATSCN1, SCAN1 - Calcineurin B-like protein (CBL) interacting protein kinase 23	3.98E-04	1055.80	58	2	1	4h	24h	0	1	43	3	14	13	7	46	235	150	2128	21504	29875	0	50	2	559	134	102	8108	4106	2526
AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	4.31E-04	1.56	685	13	9	24h	0h	1798384	2212290	1893807	1808466	2006881	1860152	2041927	1777651	2017829	2158993	2250795	2039251	2148639	2192928	2107484	2237253	2139163	2667144	3308815	2988078	2539470
ATG51760.1	IAR3, IR3 - peptidase M20/M25/M40 family protein	4.47E-04	13.82	24	1	1	24h	4h	33747	5801	2850	2997	4049	2343	7184	8868	9079	13910	13443	7340	16232	38329	6269	16914	22670	14599	50064	40329	39369
ATG04600.1	XIA, ATXIA - myosin XI A	4.67E-04	5.55	22	1	1	4h	24h	105542	109036	81489	62989	82763	80938	52154	87593	82718	85260	90894	69629	108113	128856	66605	61622	107623	267752	310338	447464	477700
ATG54960.1	PYC2 - pyruvate carboxylase-2	4.76E-04	2.41	362	8	8	24h	4h	353652	516906	380754	253209	370184	382180	424334	265972	295508	369404	485434	424591	470016	635785	593943	555725	594267	782353	810018	807797	761039
ATG56160.1	AACT1 - anthocyanin 5-aromatic acyltransferase 1	4.93E-04	14.76	274	6	5	24h	0h	37506	41237	35377	30187	51593	34136	30949	37345	32262	24377	27324	37209	30678	108350	41780	41917	54080	363619	571858	481171	258892
ATG15530.5	PPDK - pyruvate orthophosphate dikinase	5.17E-04	2.78	646	14	14	24h	4h	1637315	1042457	907484	748523	754369	1119540	812302	756554	912506	1048360	934525	1658355	906506	977844	1126437	1028869	1012780	1327427	2309606	2177160	2412204
ATG57670.1	ATGSR1, GR2, GR1, ATGLN1.1 - glutamine synthase clone R1	6.78E-04	1.57	1065	14	1	24h	4h	164823	219697	153232	196109	199400	220876	188961	215419	149756	194458	224088	233429	209381	229699	266060	276874	272484	313014	286865	299013	285964
ATG25660.1	Amidase family protein	7.05E-04	1.54	370	6	6	2h	24h	602552	633668	692446	728079	656118	652405	644474	643839	603861	560712	364010	401172	600530	654709	614368	610906	552315	515089	374738	458852	487904
ATG53260.1	PAL2, ATPAL2 - phenylalanine ammonia-lyase 2	7.27E-04	8.45	41	1	1	4h	2h	22018	6279	26126	47399	38132	43892	82208	106985	83548	83590	65217	15401	72460	52325	59404	69296	50709	64085	6931	12707	12633
AT5G48000.1,ATG23800.1	ALDH28A, ALDH2, PUMPKIN - aldehyde dehydrogenase 2B4	7.39E-04	1.23	897	14	14	10h	24h	6643529	6970137	6503641	6936267	6548184	6597038	6949469	6607961	8108749	7344469	7270154	7292513	8015066	7419574	7181261	8538308	8824308	7733827	6570100	8251158	
AT2G24140.1	protein of unknown function, DUF593	7.48E-04	3.65	31	1	1	24h	4h	27408	377479	264361	141378	271280	269711	253817	276703	219429	320622	405704	391307	276639	311164	298042	409849	417432	643877	1090784	946826	452171
ATG30870.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	7.74E-04	1.84	381	7	6	24h	4h	4054665	4159601	3712274	3665424	4182408	4422588	3668874	4475523	3755868	4564204	5584311	4480927	5015182	4633037	4610311	3842141	5433547	8304325	6794498	6395780	
AT5G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	8.00E-04	1.37	1525	27	25	0h	10h	7082401	7767173	7171922	6702118	6940138	6942281	6287769	5100775	5325947	6145815	5286129	5238957	5211060	5872379	5298433	5751132	5279005	5200432	7490415	6954337	5796787
ATG56350.1,ATG42639.1	AACT1 - anthocyanin 5-aromatic acyltransferase 1	8.32E-04	1.94	286	6	5	24h	4h	436308	474210	292182	421455	375219	347459	402928	367539	304734	445548	487309	536673	446691	450438	394708	412978	545754	479604	754795	674742	651084
ATG24170.1	ATGR1, GR1 - glutathione-disulfide reductase	8.45E-04	1.59	422	6	6	24h	0h	2008212	2272452	2118334	1872198	1808394	1942061	2110993	1679292	2041800	2543707	2128912	2755787	2120625	2140878	1868762	2106299	2227882	2230574	3517982	2724049	2690076
AT1G04390.1,ATG05220.1,ATG10610.1	Ribosomal S17 family protein	8.63E-04	2.09	45	1	1	4h	8h	215907	183946	310066	150052	219177	201470	161582	213768	123355	171134	159665	227040	104536	84516	48982	83763	119448	101376	176373	105141	160705
AT2G42200.1,ATG42200.3	Cytosol aminopeptidase family protein	9.20E-04	1.64	1501	21	13	24h	4h	7211119	7902199	6468871	6055216	5589591	6708454	6194928	6057834	7602534	7263866	7944023	6605003	7025558	6674155	7064479	7613925	10605065	11352701	9815543	8800699	
ATG05730.1,ATG29690.1,ATG05730.2	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	1.04E-03	3.87	349	6	5	24h	0h	103565	104202	139185	134160	111031	134591	93832	170748	149024	170494	191098	206599	171058	181744	153387	180696	192080	637023	519419	423298	398766
ATG27020.1	unknown protein	1.12E-03	6.89	195	3	3	4h	0h	31504	23251	18183	33192	25786	24334	25522	32755	27166	18568	26114	33900	24568	33201	26603	31974	24475	160467	185873	203970	112410
ATG21950.1	CYTC-2 - cytochrome c-2	1.13E-03	3.94	156	3	3	8h	0h	16774	38930	21520	21767	12952	15549	29820	19989	21053	5252	7042	13770	20438	25465	13102	14625	25355	30222	19562	21168	
ATG75040.1	PR5, PR-5 - pathogenesis-related gene 5	1.19E-03	2.41	568	10	10	24h	0h	1871978	2255364	1385817	1524799	1562389	1319972	1714025	1347329	1351341	1733133	2309288	1991134	1852825	2410049	1540760	2221817	2782027	2208581	4612771	3408881	2583954
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.35E-03	1.94	58	1	1	0h	8h	1720837	1388577	1211779	923832	928069	972975	767699	745350	796415	910862	906960	541399	739979	645637	842614	987556	1036542	1071837	646702	923555	755761
ATG59050.1	WOOD-type acyl-transferase family	1.38E-03	9.35	85	2	2	4h	24h	7101	4960	4248	8841	11400	7526	18521	11533	16167	9450	11898	5005	17480	19222	12658	11659	15528	50836	19687	71297	63372
AT4G21210.1,ATG01200.1,ATG21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	1.65E-03	1.61	257	6	6	24h	0h	317585	293861	437845	546324	552826	542644	393028	363235	395459	346726	481463	424641	384270	447876	403464	529742	425026	431199	618346	535867	535699
ATG07510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDIL PDIL1-2 - PDI-like 1-2	1.66E-03	1.97	313	7	2	24h	0h	104406	109707	105807	94244	95729	133260	136994	125692	132641	124957	143821	189667	193542	145021	144850	137468	215463	170835	253896	187300	189260
ATG25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.82E-03	1.68	705	9	9	24h	4h	1926284	2174407	1733204	1914967	2036856	1782884	1798927	1704958	2060361	2165057	2758651	1788589	2612345	2844864	2706599	2921559	3092833	3228869	3440628		
AT2G38230.1	ACX1, ATACX1 - acyl-CoA oxidase 1	1.82E-03	2.05	322	7	7	24h	2h	839791	853118	526836	490957	548948	561012	621770	555300	617036	716763	689427	645113	611598	779885	672646	713425	782652	1056218	1033136	940544	1309012
AT4G34120.1	dehydratase family	1.84E-03	1.26	661	15	14	0h	8h	4148651	4598465	3814673	3606288	3461792	3676189	3562041	3386704	3683854	3669180	3277595	3256642	3415899	3245919	3201709	3416031	3640170	3581537	3221381	3319189	3551544
ATG54400.1	Aldolase-type TIM barrel family	1.89E-03	2.93	171	4	4	24h	0h	136163	163914	151950	203152	210558	210568	176272	197954	202313	176212	168735	302513	162312	257307	300713	225389	273437	288150	465982	514650	413803	402685	
ATG53280.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.07E-03	1.36	338	9	9	24h	0h	1165901	1361742	1088530	1096856	997983	1088771	1000639	1057673	1041251	938052	1030903	979266	1024437	1011128	1070715	975391	847593	833269	1134344	1055606	1172655
ATG29920.1,ATG79930.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	2.14E-03	1.26	1491	22	22	24h	0h	4464058	4925101	5237544	5295623	5340954	4830074	5152565	5864778	5087646	5626747	5632032	6235112	5543179	5393107	5288198	5872897	5894642	6025592	6523218	6090126	5858471
AT1G05310.1	DPD1, SAT - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like protein	2.24E-03	2.94	31	1	1	24h	2h	18483	22373	9004	9666	12551	14842	14610	17434	18375	28922	32371	21338	21998	31831	23564	25119	30314	27688	40719	40015	
ATG54380.1	TOPP6 - type one serine/threonine protein phosphatase 6	2.28E-03	4.64	24	1	1	0h	4h	23872	10070	16167	18718	21882	14490	26620	12723	29467	25411	40378	25883	53495	36926	25782	19984	21693	48934	65604	68350	98622
ATG54260.1	Rubisco methyltransferase family protein	2.33E-03	1.34	691	10	10	24h	0h	1040406	1097707	105807	94244	95729	133260	136994	125692	132641	124957	143821	189667	193542	145021	144850	137468	215463	170835	253896	187300	189260
AT3G12200.2,ATG22200.1	PDIP2 - Peptidase M20/M25/M40 family protein	2.34E-03	1.32	597	11	11	24h	0h	1926284	2174407	1733204	1914967	2036856	1782884	1798927	1704958	2060361	2165057	2758651	1788589	2612345	2844864	2706599	2921559	3092833	3228869	3440628		
AT2G38230.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	2.56E-03	2.05	322	7	7	24h	2h	839791	853118	526836	490957	548948	561012	621770	555300	617036	716763	689427	645113	611598	779885	672646	713425	782652	1056218	1033136	940544	1309012
AT4G34120.1	LEI1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	2.65E-03	1.34	310	5	5	24h	0h	1333853	1216002	1359187	1462691	1308300	1427708	1398300	1377955	1611565	1260130	1317830	1232011	1402013	1361773	1400049	1481168	1686448	1939640

AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	4.00E-02	1.45	947	13	12	0h	10h	12372414	12507674	8970180	9168887	9237303	9420638	8893660	8727767	9157002	8710136	8845708	10029425	8718992	7851725	9396965	7481359	7327942	8540246	11127214	8184494	9154851
AT5G45890.1	SAG12 - senescence-associated gene 12	4.02E-02	2.68	23	1	1	24h	2h	59808	80870	99436	55740	56282	44049	66810	61071	80506	47185	40626	74360	63914	96249	65995	59179	79417	164241	78825	165468	174352
AT5G66190.1,AT5G66190.2	ATUPM1, PNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	4.02E-02	1.29	1223	19	17	4h	0h	12911125	14612654	14835160	17270128	15966254	19509342	19191791	17501697	17849570	19214854	15823017	16942368	17716417	18993725	15747869	16957574	18561446	16833765	17862441	14043606	14807392
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	4.07E-02	2.27	67	2	2	24h	2h	83497	78257	52144	59108	56114	68836	110538	40209	51361	105340	80086	89161	76247	88995	78422	58897	84413	138105	140443	130452	146150
AT5G23010.1	MAM1, IMS3 - methylthioalkylmalate synthase 1	4.09E-02	1.99	251	4	3	8h	0h	134009	126901	160544	165945	149773	138254	142112	145681	209711	148940	245463	216476	350543	302889	184129	350199	209933	175284	184506	170705	205042
AT4G26910.2	Dihydrolipoamide succinyltransferase	4.09E-02	1.61	326	7	4	24h	2h	388662	342645	326484	382820	390724	246726	365014	382398	353288	447773	293987	289361	392290	503486	291743	396616	509322	515389	503968	593132	543998
AT5G22130.1,AT5G22130.2	PNT1 - mannosyltransferase family protein	4.10E-02	1.64	26	1	1	10h	0h	280087	345780	349374	549649	377110	290770	390536	637113	477403	497483	488620	487064	457127	558547	428253	543055	547085	507021	324847	438647	398040
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	4.10E-02	4.66	128	2	2	0h	10h	359340	184267	97806	196799	465756	125991	339765	316247	220286	402357	333510	140397	328868	308425	225354	42764	119895	47291	561713	271944	136913
AT5G48550.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	4.17E-02	1.48	175	3	3	0h	6h	2212754	1672151	1584534	1409004	1082087	1228769	1467184	1202268	1223827	1372405	1212860	1113416	1355376	1234316	1177035	1440947	1814126	1795860	941145	1705656	1211833
AT4G29060.1,AT4G29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	4.18E-02	1.19	2152	36	35	10h	0h	21013219	19456420	22424497	19886681	21663477	21718126	21374842	19502025	21872279	20276815	19211622	21577529	19546836	21010462	19308863	21673550	21592140	21242054	19977911	17132530	16884923
AT4G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	4.20E-02	1.65	183	3	3	6h	0h	88498	64264	116962	129248	111130	104352	100771	120293	110601	170851	168964	92988	98944	87375	92827	76337	115640	171736	114813	118124	
AT4G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	4.20E-02	1.63	420	7	4	6h	0h	326495	368299	384375	390606	533369	583109	404557	505795	551580	472525	538754	726253	481839	623898	401939	458232	491950	548803	371607	313844	355919
AT4G79210.1,AT4G16470.1	N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	4.23E-02	1.22	339	5	5	24h	4h	1384276	1307470	1292894	1174058	1369470	1270569	1194190	1333733	1169181	1426525	1417453	1219151	1399353	1543838	1308911	1305952	1387274	1393142	1443797	1591962	1478695
AT2G02390.1	ATGSTZ1, GSTZ1B, GSTZ1 - glutathione S-transferase zeta 1	4.26E-02	2.26	138	2	1	24h	4h	112486	126974	115611	107848	92932	117486	112899	121601	75403	134343	42303	119558	150976	96648	102607	96316	151290	153698	188211	226534	
AT4G04890.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	4.28E-02	1.48	605	12	10	24h	2h	1808802	4166726	2767958	1268126	3550383	1070261	1949444	3542995	2878568	3853679	3722328	3649298	3483142	4092640	3106091	3410031	1926674	3520079	5584195	4634317	4470443
AT3G14310.1,AT1G53830.1	ATPME5, PME3 - pectin methylesterase 3	4.29E-02	1.57	787	11	11	24h	2h	7259470	9345866	8736379	6666718	5801671	6142667	6762146	6491826	7463653	6272946	6530468	10309309	7728949	9392559	7905305	7290411	7888778	10140226	9155071	9181300	10815881
AT3G13920.1,AT5G42770.1,AT5G42770.2,ATC	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	4.31E-02	2.13	647	14	14	24h	4h	1524458	889554	2027589	2419560	2452158	1792802	1085455	1261651	1889322	1012424	2334545	1416520	1456533	1740706	1531777	1521098	1545358	2381399	2926244	3532351	2567158
AT3G52720.1	DHAR2 - dehydroascorbate reductase 2	4.32E-02	1.70	170	3	2	6h	2h	87520	73664	88659	86453	67358	83299	85724	94505	60170	95289	114078	194643	104110	97455	83584	119084	121081	100186	94897	99037	95713
AT5G13330.1	Clathrin, heavy chain	4.32E-02	2.75	783	17	1	24h	0h	43283	31003	33897	40966	71208	35470	81947	41911	31988	61006	51251	29911	53718	33707	48407	26439	35127	26795	100252	83169	58305
AT4G16080.1	unknown protein	4.33E-02	1.21	1132	18	18	6h	0h	5979899	7293590	7071415	6998596	6969176	6942556	6813454	6906571	6963708	6990385	6596251	7557973	6287649	5989462	6602191	6665920	6941295	6460451	6633518	5504756	5358462
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	4.34E-02	1.77	365	7	3	4h	4h	175182	252299	195408	175014	197060	197000	146351	153619	194334	217231	185504	186582	204015	271402	169909	170252	222613	243092	246471	263403	364777
AT4G01480.1	APX1, MEF6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	4.37E-02	1.24	880	16	16	24h	4h	28851055	29079416	26807072	26131201	27994947	26414954	28042481	25483344	25874982	28648410	26915836	18654633	27108686	27246553	28353270	29625117	30417938	31009330	30747275	30240955	31003085
AT3G51970.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	4.42E-02	1.17	523	10	9	0h	4h	3944602	4362154	3843788	3304121	3530753	3926055	3456243	3607323	3734569	3726077	3655140	3662597	3535165	3581356	3525246	3695854	3681497	3544738	3230217	3581953	3568403
AT3G50670.1	OTU-like cysteine protease family protein	4.42E-02	2.28	58	1	1	24h	6h	15170	11889	20828	19095	24936	15542	17599	21558	18850	16232	18992	9884	16940	23106	29034	11678	25315	24229	28682	34220	40161
AT2G05380.1	GRP35 - glycine-rich protein 3 short isoform	4.47E-02	Infinity	66	1	1	24h	6h	63174	2932	0	616	1707	1787	788	2007	0	0	864	0	5023	0	556	0	3812	7653	76513	67073	39803
AT3G05290.1	PNC1 - peroxisomal adenine nucleotide carrier 1	4.50E-02	1.98	25	1	1	24h	4h	191028	167586	102968	138922	112806	119576	114420	56593	77262	85440	118174	150893	135259	126698	76876	86050	94782	100858	187626	164124	141074
AT3G51260.1,AT3G51260.2	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	4.55E-02	1.19	390	8	8	4h	8h	2307923	2745807	2590027	2574393	2341601	2189093	2318122	2232145	2506553	2745665	2322359	2651449	2311094	2371671	2357218	2449874	2495659	2569999	2685344	2877579	2783584
AT5G44060.1	Late-embryogenesis abundant protein, group 2	4.61E-02	2.16	93	2	2	0h	10h	77288	76345	117780	77714	98577	56352	67048	57264	76811	73790	110402	66094	48420	70375	49445	38931	42152	44774	54540	83119	30149
AT4G18060.1	SH3 domain-containing protein	4.62E-02	1.47	20	1	1	24h	4h	311027	398082	423520	383694	350102	357741	307472	359629	465557	363732	379667	379144	338452	285309	380706	366725	432585	431906	476308	534871	466001
AT5G60600.1,AT5G60600.2,ATSG60600.3	GCPE, ISPG, CS83, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	4.68E-02	1.27	1260	22	21	4h	0h	4048504	4239713	5004383	5737190	5742217	5309241	5983003	5702781	5251346	6278242	5278220	4875203	5809296	5406230	4791697	5979401	6151538	4606218	4768373	4260785	4714226
AT2G16810.1	HOS3 - ubiquitin-protein ligase	4.69E-02	1.62	26	1	1	24h	0h	1144918	1526989	1269441	1237410	1338258	1480887	1095431	1088523	1389420	1585012	976190	1162506	733435	1036669	1566555	920952	785539	1134068	1029429	1068439	1372267
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	4.72E-02	1.23	429	9	9	24h	2h	4696078	4824401	4265460	3904166	3943858	4461907	4375595	3955654	4174982	4779714	4063423	4397985	3918903	4582387	4408328	4427784	4149849	4184020	5585507	4753420	4760116
AT2G16600.1,AT2G16600.2	ROC3 - rotamase CYP 3	4.72E-02	1.29	659	8	8	6h	6h	12198145	14157409	12566031	12676059	12331201	11721105	11994919	12247891	11676651	11816997	11461136	9535243	13084252	12916132	12481107	13301705	13468847	13824304	16881286	13642727	14218121
AT3G01120.1	MTO1, CS1, ATCYP1, ROC1 - Cyclosporin A/cyclophilin (PUP)-dependent transferases superfamily protein	4.72E-02	1.54	298	5	5	24h	2h	296877	312323	275550	478602	365770	387780	455888	377117	409917	561287	503960	509798	471928	499694	447557	482441	504832	523037	482394	475375	592942
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	4.75E-02	1.98	54	9	2	2h	24h	424558	349703	979570	1168430	1105929	983408	1311971	1038139	825825	1168417	998193	999250	1050455	908699	817170	1213848	961853	443160	670174	506451	471896	
AT3G12230.1,AT1G12230.2	Aldolase superfamily protein	4.76E-02	1.38	258	5	5	6h	6h	531990	433144	396209	468234	422365	432784	340637	324845	398539	365416	308669	315515	285817	381213	359047	438593	391308	320197	415571	468634	352485
AT4G21540.2,AT4G21540.3	SPHK1 - sphingosine kinase 1	4.78E-02	1.80	27	1	1	10h	0h	185946	213212	188280	161706	372719	356828	294981	464889	416155	467454	420766	364726	423117	321508	453453	517667	572487	330655	303663	281729	263195
AT5G45230.1,AT5G45230.2	Nuc/sk/Pase/p-loop hydrolase 4 superfamily protein	4.78E-02	1.63	250	5	5	24h	2h	403259	421928	296972	368140	378854	343182	343426	378634	329728	372218	342004	425239	330906	337083	286420	332768	299641	314932	329827	414576	421788
AT3G51180.4	Protein of unknown function (DUF1336)	4.79E-02	3.03	24	2	1	0h	10h	462064	325660	300632	772536	533996	499435	780747	1049530	516937	893627	724861	687519	990597	837402	1077590	2022518	562408	718064	776481	548794	337643
AT3G10450.1,AT3G10450.3,ATG10450.4	GRP6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	4.82E-02	1.21	857	11	3	24h	4h	4433935	4684444	4784340	5104254	4732409	4905792	4455817	4598453	4841915	5376642	5115182	4829582	4554611	4049603	4672536	4254677	4806357	4922262	4733097	5468595	5821559
AT5G03060.1,AT5G03060.2	Protein of unknown function (DUF1336)	4.82E-02	2.37	331	5	4	0h	4h	19691	24073	38981	56909	52746	47128	58443	90325	47487	81446	88661	31015	57020	50224	30737	27482	31823	31042	39958	47992	50496
AT4G01940.1	NFU1, ATCNFU1 - NFU domain protein 1	4.84E-02	2.64	22	1	1	6h	0h	35287	6085	22114	66417	54682	46808	27160	44661	42620	47424	33431	20843	56457	43275	54560	46514	32144	41170	43949	56010	43046
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	4.84E-02	1.41	617	11	11	6h	6h	2142291	2374299	2189748	2680802	2759995	2705998	2958275	2698191	2679546	3045413	2468966	3546217	2973156	2691013	2423276	2744055	2753609	2196292	2564560	2090205	1783052
AT4G49240.1,AT3G18780.1	ACT8 - actin 8	4.84E-02	1.58	777	13	4	24h	4h	596253	568057	737423	1030171	845572	512621	670770	872680	543874	902184	650979	670187	656099	707288	556861	902481	808023	1115848	1082216	929913	
AT3G12020.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.84E-02	1.83	50	2	2	8h	6h	54432	52024	76080	97342	65214	67029	77043	102444	99997	71248	45105	39896	81972	106160	97361	88844	86889	78505	43245	87085	86446
AT3G20830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2/JL23	4.86E-02	1.53	604	9	9	0h	4h	8084726	5170101	4685585	4583904	3957083	4303414	4121674	4031007	3587708	4626288	3379459	3930312	4381870	3962710	3813575	4846325	6773574	5504131	6490163	5879473	3875076
AT5G21340.1	SMAD/FHA domain protein	4.86E-02	1.35	422	8	7	0h	4h	4455005	3989020	3402224	3862286	3632705	3621275	3500009	3542934	3455853	4144823	3020590	2740062	3696191	3167397	3045449	3152005	3808888	2737828	2844003	3000717	
AT4G14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	4.91E-02	1.68	25	1	1	8h	0h	322298	343475	342237	368619	365212	351593	295649	375333	456747	281562	360836	424435	291081	281979	149329	263916	268127	269607	501510	393866	320052
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	4.94E-02	1.49	454	6	6	0h	6h	7818617	6791244	6202116	5242736	4801570	5035375	4589908	5293757	4731872	4809951	4730033	5794484	4870513	4466903	4606192	5005414	6538166	5330907	7835399	7015521	4510457
AT2G08210.2	RPS4 - ribosomal protein S4	4.96E-02	1.95	218	4	4	0h	4h	1611785	1210619	1175037	1296972	823139	1038653	1153182	1145135	739725	1133666	1464727	956821	709313	589378	612531	918841	1363477	785792	930211	1042122	511713
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	4.97E-02	1.47	524	9	8	0h	4h	2210330	2634154	2787298	1722096	2267960	2090091	2237675	2565901	2046778	2286642	2250960	2763218	1697016	1538607	1967573	1580791	1977990	1858693	2126936	2546462	1528341
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	4.98E-02	2.24	1440	20	20	0h	4h	72912546	86274745	88401799	78016589	76008086	80354399	72658850	74630702	74661064	90487984	71149511	67302703	76134951	78439248	77899556	68669463	70039805	60078138	68979688
AT3G28630.1	Protein of unknown function (DUF569)	5.00E-02	2.00	23	1	1	0h	10h	182554	229172	298228	417536	295205	297836	363639	406273	458726	522709	427291	182383	434627	443636	390112	530922	505845	383410	257220	277396	283670
AT3G26520.1	ATVIT1, VIT1, VIT1_2 - transition metal transporter 1	5.00E-02	1.67	21	1	1	10h	0h	450643	366592	353098	387561	429155	338143	317512	368184	348047	417290	532200	286760	312969	217648	266705	318767	280805	270560	309040	294419	263885
AT5G15750.1,AT5G15750.2	WSIP1, TPL - Tranducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.00E-02	1.81	54	2	1	4h	0h	59776	62508	55731	65050	89262	51916	69306	83999	88907	56134	32778	44767	64826	93205	54809	54400	62799	79114	66741	74336	74800
AT5G17020.1,AT5G03110.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HTF2 - exportin 1A	5.05E-02	2.59	142	2	2	6h	4h	26984	23533	18741	24369	22659	28073	19221	11245	24209	19830	28091	47880	17705	16219	30244	22098	23012	20709	70916	38663	31900
AT1G05190.1	emb2356, PRP6, PRP6_1 - nosoplast intrinsic protein 2	5.24E-02	1.57	357	6	6	0h	2h	41145?1	2783870	3101504	2204635	1915544	2161080	2054954	2337970	2208054	2577627	2465153	1899037	2803904	1746836	2024115	2737252	3439035	3149339	3200887	1952100	
AT5G53460.1	GLT1 - NADH-dependent glutamate synthase 1	5.11E-02	1.79	595	16	16	24h	0h	393897	549778	685024	963154	793453	587196	624259	748657	659164	929532	773633	615616	908527	911695	604872	784317	823359	756163	1028387	1000064	885896
AT2G44350.1,AT2G44350.2,ATG60100.1	ATCS, CS1 - Citrate synthase family protein	5.13E-02	1.35	676	12	11	4h	6h	2285175	2534549	2031453	1976442	2107268	2382438	2425299	1929615	2189458	2510154	2358212	2859690	2095343	2237882	2416305	2448491	2390819	2267532	3507171	2688562	2521967
AT4G34290.1	SWIB/MDM2 domain superfamily protein	5.13E-02	2.48	54	1	1	4h	4h	129202	121028	167918	140878	150148	167677	143664	166226	150945	155865	23062	15085	131658	62287	128816	72080	68065	110456	121480	129375	81698
AT5G56850.2	unknown protein	5.14E-02	Infinity	129	6	1	10h	0h	771	649	1076	2783	3243	1738	1132	954	0	5752	3502	0	3055	0	0	0	5116	3337	903	0	0	0
AT4G36810.1,AT2G18620.1	GGPS1 - geranylgeranyl pyrophosphate synthase 1	5.15E-02	1.53	291	6	6	2h	0h	390307	268169	456518	590262	554465	561681	482961	544924	462823	451787	510748	666336	442178	473958	484996	457203	364497	432735	633541	451566	451090
AT5G56190.2	ALPHA-SNAP2, ASNAP2 - alpha-soluble NSF attachment protein 2	5.22E-02	1.65	206	3	3	6h	4h	108690	103828	113632	116761	137891	137969	130199	125484	98657	80596	161905	81549	142677	138716	152024	105359	115306	150837	163813	217108	158451
AT2G20810.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	5.24E-02	2.30	101	2	2	0h	6h	83117	105305	92350	65281	65874	73992	41456	54007	62803	26343	39543	56447	46451	47425	92188	45416	39473	59815	44266	36760	83328
AT3G51190.1	chloroplast 30S ribosomal protein S20, putative	5.24E-02	1.88	227	4	4	2h	8h	2702571	1814340	1583753	1462697	1155090	1428355	1187391	1113808	1067573	1611026	902868	803825	1191640	980137	1081801	1406604	2038307	1465715	1732242	1631445	931565
AT1G45180.1	RMI1/Topo superfamily protein	5.24E-02	11.20	3	1	1	8h	8h	4973	3180	2663	9060	8190	3303	3479	14503	3161	1758	1399	7032	13722	1315	9432	1258	147	2901	0		
AT3G07720.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	5.32E-02	1.70	230	4	4	4h	4h	112036	135122	126688	119793	102909	87324	100432	87854	81184	105058	79322	145259	103496	133599	127036	132621	110817	145102	131661	134771	192318
AT3G46440.1	UKS5 - UDP-XYL synthase 5	5.34E-02	1.70	287	8	4	24h	4h	10h	83746	94926	61958	83354	63261	60919	80637	54763	67674	100313	88810	101097	54361	85266	90424	87837	51493	53054	128223	96889	102000
AT4G27863.1	emb1473 - Ribosomal protein L13 family protein	5.36E-02	1.67	526	6	6	0h	6h	4318250	2773285	2733285	2330106	2343724	1879212	2363185	1983271	2003319	1662315	2550582	1796337	1294068	2036016	1902562	2021055	2534192	3011023	3374413	2079687	2942162
AT4G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	5.37E-02	1.43	329	5	5	24h	4h	3720890	4588829	4034034	3745947	3445532	3494947	3523764	4076799	3705754	3426491	4187767	2973340	2218611	3845361	3398859	2975084	3370335	3027996	2888516	2718981	
AT3G19710.1	BCAT4 - branched-chain aminotransferase4	5.39E-02	2.42	113	3	3	6h	4h	132407	100273	98219	118390	97332	153996	133668	70075	115614	107330	104640	292472	261018	303723	208654	312030	155496	124942	316021	165760	187051
AT1G73090.2	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; E	5.42E-02	2.04	28	1	1	24h	0h	111104	105127	158890	100860	132867	157309	52466	62211	76596	27896	88765	96973	83917	80181	93111	67925	40008	85618	103878	130717	88918
AT1G51580.1	RPL3B, ATRPL3 - Ribosomal L3 B	5.46E-02	2.36	82	3	3	0h	6h	742552	425564	446010	291545	430800	376256	423622	310619	429189	173052	210844	471575	280182	272888	180676	183365	233393	211289	427182	606543	292878
AT1G65780.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.59E-02	6.40	20	1	1	8h	8h	1340	1641	2763	2009	2522	2456	586	2923	2239	147	665	866	737	287	69	181	187	326	2667	713	1583	1197
AT1G21580.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	5.62E-02	1.82	23	1	1	4h	2h	57252	41280	57261	55637	72051	50465	36818	37872	23012	37622	42962	41270	64014	49821	39608	36169	47056	49456	22698	39454	45955
AT4G09020.1	ATSAS1, SAS1 - Ribosomal protein S4	5.63E-02	1.57	147	3	3	24h	4h	51856	50254	77903	85532	87922	69676	50774	55171	56061	47932	51549	91541	68167	66084	47944	61344	83832	56502	47320	47340	71175
AT3G48690.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.63E-02	1.26	593	7	7	2h	4h	2636600	3302535	2550496	2281529	2608698	2537079	2616430	2547690	2578086	2487792	2686118	2986275	2376694	2862145	2584792	2630606	2728501	2712404	3047411	3116167	3193068
AT4G45145.1	ATRKS, ATHS, LIV1, TRXS - thioredoxin H-type 5	5.65E-02	986.75	52	1	1	4h	4h	3893	122	898	0	1727	2759	1340	798	190	45	0	47	0	0	35	118	0	4528	1038	4981	38912
AT4G16440.1	L-Aspartase-like protein	5.67E-02	1.50	981	18	10	8h	8h	4278869	5579461	3524024	4083099	3854847	4208862	4200601	4017375	3621436	5498197	4281788	4725495	4483341	7218314	5099873	5022747	4302723	4619458	3525155	3496858	4517781
AT2G44280.1	Major facilitator superfamily protein	5.71E-02	40.19	31	1	1	0h	0h	0	0	2690	9527	11990	4025	9190	14847	1740	5248	22679	0	55656	44891	7590	15995	32033	42990	1644	16310	2120
AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	5.79E-02	1.19	1291	17	17	2h	8h	18316815	19157471	18828245	18262241	19350700	19581903	17490279	16856019	17358991	16742357	17420009	20261501	17745846	15609298	17392760	15524908	16204471	16300325	21255469	18071120	16855638
AT2G15560.1	Nitrate/sugar/peptide transporter family (PTR)-like superfamily protein	5.82E-02	1.37	163	4	3	8h	8h	96632	115530	109765	98077	118464	148232	118313	109760	99530	101684	94659	112620	135258	144922	144635	147879	116299	121551	143604	137799	102879
AT4G08870.1,AT4G08870.2	Arginase/deacetylase superfamily protein	5.82E-02	1.54	757	11	8	24h	2h	6529122	7490235	5326007	4544606	5095334	5963063	5851594	4903477	4971647	6985281	6839521	7562760	6744375	10236361	7100430	6914329	7026009	8219952	5503175	5938421	9560893
AT5G27660.1	Trypsin family protein with PDZ domain	5.82E-02	1.49	22	1	1	4h	4h	1107018	1121189	1031153	851663	1040515	1084105	1058953	911001	929007	890027	986941	1176593	857799	1075544	1043974	769105	966151	1170958	1052840	1381220	
AT2G19540.1	CAC3 - acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	5.84E-02	1.64	270	5	5	24h	4h	327499	341726	378117	541133	763312	649580	645620	732000	689774	673123	712304	697774	712304	777277	685472	600850	647794	559834	604250	679661	756778
AT3G02730.1	TRXF1, ATF1 - thioredoxin F-type 1	5.94E-02	1.20	265	5	4	0h	6h	3379986	3453532

AT1G59700.1	ATGSTU16, GSTU16 - glutathione S-transferase TAU 16	7.77E-02	1.68	182	1	1	24h	4h	88389	107956	67716	73683	65866	94990	63244	53603	65994	104069	71227	117417	65248	101994	81985	70900	85109	92014	105112	100142	101158
AT5G04940.1,AT5G28030.1	ATCYSD1, CYSD1 - cysteine synthase D1	7.77E-02	1.65	234	6	1	4h	24h	134921	113747	104856	122652	99829	117741	114452	122898	119582	107303	121327	70450	99445	93879	109155	109457	107164	96213	41631	80766	94339
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.81E-02	1.22	996	9	7	0h	24h	17192496	18439093	15974627	16847169	17650387	14966680	16823106	15893985	16533562	13706621	14886471	15609586	15669788	16343863	13983673	14976194	13875437	14531804	16477666	13856338	12021734
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	7.81E-02	1.29	736	13	13	6h	24h	2047869	2158875	1880619	2301539	2254113	1937747	2137633	2443096	2168019	2658338	2081990	2515393	2325236	2208957	2127541	2545791	2427935	1946784	1976804	1834480	1799159
AT2G01350.2,AT2G01350.3	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	7.81E-02	1.56	47	1	1	24h	0h	67780	37196	38775	60152	51430	46643	70083	43108	46231	61938	79563	77556	78778	65898	55734	67114	72591	52183	81880	77856	64810
AT1G13470.1,AT1G15340.2	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	7.83E-02	6.33	77	2	2	2h	2h	23081	30472	8075	1625	3051	6875	9692	4542	6301	4064	5284	6442	11533	26901	29721	10701	15643	12600	2106	22870	48192
AT4G11260.1	ATSGT1B, ET43, RPR1, EDM1, SGT1B - phosphatase-related	7.89E-02	2.48	228	2	2	24h	0h	220494	130233	124077	196462	251361	221280	290345	250024	197328	243602	236055	272294	180856	295941	312349	283561	142565	222601	617182	287181	271841
AT4G26500.1	EMB1374, CPSUFE, ATSUFE, SUFE1 - chloroplast sulfur E	7.89E-02	2.15	153	4	4	24h	4h	45598	41981	31973	42604	30615	53822	39485	30106	38100	50563	64441	47453	54802	39502	43643	38316	46476	40170	125174	55898	50854
AT1G22340.1	ATBETAHPLC4, VAC-INV - Glycosyl hydrolases family 32 protein	7.90E-02	1.35	627	8	7	6h	24h	2075782	2108301	1350818	1457118	1379874	1546881	1507009	1324430	1605872	1887680	1896846	1914915	1522321	1864542	1722794	1939682	1410237	1795303	1398455	1369144	1461910
AT3G55040.1	GSTL2 - glutathione transferase lambda 2	7.94E-02	1.27	642	9	9	24h	4h	1275094	1361016	1436018	1207926	1304051	1350220	1216774	1284338	1077365	1373296	1358507	1119669	1318493	1219126	1162736	1334240	1337093	1085494	1024153	1054962	1128005
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	7.95E-02	2.42	31	1	1	24h	8h	53014	25219	20192	27400	32885	33142	33225	49681	44761	32385	46760	37479	17759	18043	22680	20106	28753	87296	48931	32062	
AT5G51060.1	HDA05, HDA5, ATHDA5 - histone deacetylase 5	7.96E-02	2.83	55	1	1	24h	0h	530	784	3006	2844	3557	1475	4004	5007	3842	4311	1930	7020	3015	3341	2883	3424	4804	3720	3710	5984	5079
AT4G11820.2,AT4G11820.1	MVA1, FKP1 - hydroxymethylglutaryl-CoA synthase / HMG-CoA synthase 2 / 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme	8.05E-02	1.47	30	1	1	4h	4h	35897	32516	41738	33274	34320	33615	37466	38987	23611	43903	39342	51700	49361	46820	34222	32593	38022	37314	55492	52830	38371
AT3G59540.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	8.10E-02	2.35	49	2	2	0h	10h	10411	12862	10269	12218	22845	15191	17395	20089	22118	27318	15309	18535	22844	25578	25063	24308	27426	50356	15091	32134	39304
AT3G20790.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.10E-02	1.50	56	2	2	6h	6h	94162	104158	117271	95903	112831	90124	144173	140679	108189	89108	76632	96596	101917	133188	110502	86572	112481	87353	127183	85099	111061
AT3G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.18E-02	1.24	466	9	9	0h	6h	650185	511777	482245	544955	583080	570322	631690	619648	619396	619005	619704	675691	634581	749145	653076	705978	607463	562105	684491	698423	607056
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	8.19E-02	1.64	499	9	9	0h	4h	5202640	3601877	2668200	2793968	2320346	2644166	2486685	2226329	2266030	3023609	1909615	2683168	2452693	2372191	2238867	2825847	3754432	3501896	4280519	3188612	2290688
AT3G21160.1	LA RNA-binding protein	8.23E-02	1.91	31	1	1	0h	10h	300411	364294	296531	267888	225206	316307	237911	207613	207874	153437	208612	358781	169981	220222	235807	123058	136120	243841	236217	239558	301320
AT5G07980.1	NAPRA5, NAP2 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase 6	8.27E-02	2.32	30	1	1	6h	2h	734744	941994	802289	513720	754445	581828	1184344	757121	887674	1540763	1332540	1412732	1254194	1031192	1141520	1558879	1303548	706465	1513680	1554656	1455080
AT5G54900.1	ATBBP45A, BBP45A - RNA-binding protein 45A	8.29E-02	2.65	34	1	1	24h	0h	248829	284117	190240	178579	211325	293292	266643	188276	185484	223065	142986	247851	159540	235714	314926	134192	128838	175757	147055	148609	141681
AT2G19160.1	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein	8.29E-02	14.83	22	1	1	10h	10h	850291	1112830	455418	201710	351515	714458	255589	95568	161376	13561	69927	507655	73948	83538	127029	0	4221	158818	284362	216858	754212
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	8.31E-02	1.47	961	16	10	24h	4h	1522056	1538401	1203076	1338180	1067908	1267423	1494755	1272025	1251269	1623265	1182392	1773445	1316812	1629058	1335052	1442683	1461756	1534866	1208830	1569487	1613476
AT5G11900.1	Translation initiation factor SUI1 family protein	8.34E-02	1.83	31	1	1	0h	6h	11695	12428	8205	1599	8028	5615	11327	7762	2277	2300	2908	1680	7565	3425	14427	8193	3028	3958	5464	12673	11096
AT4G04350.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	8.34E-02	1.33	128	4	4	24h	24h	380222	400805	328584	341059	292672	254978	350239	280584	282473	329214	303663	403197	312506	306127	333357	267248	289359	313633	310358	252276	273670
AT2G06904.1	nucleic acid binding;zinc ion binding	8.38E-02	5.96	22	1	1	10h	0h	44090	30325	56435	114568	118181	49166	99244	201287	205647	335392	301618	16515	286551	252165	193773	167972	444889	155075	28188	120464	23579
AT4G27550.1	tRNA synthetase beta subunit family protein	8.38E-02	1.28	162	4	4	24h	2h	287161	382920	403813	323791	293527	313553	365859	337491	345662	362457	425414	370043	351627	361527	419027	350172	354145	344151	429260	386404	380140
AT5G58220.3	TTL - transthyretin-like protein	8.39E-02	1.73	62	1	1	10h	10h	33390	44413	35463	31031	34897	43489	35276	37408	30251	27590	36855	37663	24838	36671	38617	32404	26431	29560	51453	37184	64286
AT2G01120.1	RP515 - chloroplast ribosomal protein S15	8.39E-02	1.94	225	4	4	0h	6h	812652	707725	569254	377055	442655	466039	445284	314581	380995	381476	349913	242489	424168	302467	336382	408785	683825	429793	569670	486109	400300
AT4G28470.1	RPN18, ATRPN18 - 26S proteasome regulatory subunit S2 1B	8.42E-02	1.78	208	5	1	2h	10h	29135	15485	11576	25127	18252	30495	19415	16185	11172	15785	19760	12264	18910	19538	26788	16611	15330	9574	22803	21540	24987
AT4G26555.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	8.47E-02	4.84	48	1	1	10h	10h	30120	33710	13727	10563	13383	26613	11224	4974	3543	2122	4035	31652	4059	4208	8334	3545	1664	10822	11159	11805	25938
AT1G80610.1	WIN1 - HSPWD-1-interacting 1 component	8.47E-02	1.29	416	7	7	0h	4h	1746121	1869878	1580799	1852174	1477329	1681528	1525589	1180575	1322443	1502538	1595407	1483733	1381440	1424905	1444006	1506030	1496189	1378988	1744871	1598177	1229126
AT4G09000.1,AT4G09000.2	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	8.52E-02	1.36	1108	16	8	24h	0h	4844477	5648756	5493150	5772352	5992192	5284937	5455802	4839146	5223860	6068558	5678409	7953487	5015130	5696288	5534024	5562423	6058862	5838433	8865106	6810268	6013585
AT3G72880.1	Survival protein SurE-like phosphatase/nucleotidase	8.52E-02	3.63	28	1	1	10h	10h	64554	94786	51112	22114	95065	77925	58647	13512	31184	36748	46946	65994	33654	29735	5667	13074	22839	23667	123056	37311	56208
AT4G25900.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	8.52E-02	1.62	268	5	5	24h	4h	1104945	1476685	1050892	1166739	1148669	1113179	1198063	874431	1057672	1986856	1201324	1611505	1122408	1095156	1198796	1182764	1251248	1018880	1862540	1729595	1305526
AT3G06050.1	PRX9F, ATPRX9F - peroxiredoxin 9F	8.52E-02	1.27	484	11	11	24h	2h	3605814	4027484	3591396	3156327	3095966	3202130	3588164	3427323	3479932	3305514	3210724	3776974	3070619	3464791	3344937	3319334	3349553	3410915	4894707	3688038	3414660
AT3G18060.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	8.55E-02	1.21	393	6	6	24h	8h	1178322	1188933	1254753	1171268	1076938	1184021	1376065	1133899	1092411	1274914	1387919	1467329	1165589	1104073	1146047	1247127	1260760	1337991	1658166	1236429	1242662
AT4G04310.1	Chaperonin-like RbcX protein	8.57E-02	4.96	55	2	2	24h	1h	11526	11974	40856	22086	53498	42978	31068	42367	26474	34051	33865	7738	51239	44837	18731	34615	41046	7593	4843	2492	16551
AT2G41200.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.64E-02	1.62	22	1	1	24h	0h	2221794	2888683	3222745	4348695	3638171	3462574	4050736	4255533	4426923	4559018	3772102	3741041	3283177	3854190	4155999	4897575	4786176	6530320	3871090	3061667	
AT3G24490.1	3D5 ribosomal protein, putative	8.64E-02	1.62	322	6	6	6h	6h	5766031	5213537	5137219	3763369	4198453	4656826	3033957	3776676	3875332	1965893	3763833	4247064	3357535	3343306	4464536	2829509	3497802	4095886	3861684	4218399	4199603
AT3G26900.1	SK11, ATSK11 - shikimate kinase like 1	8.72E-02	2.06	86	1	1	8h	24h	17795	28586	74964	52707	56039	60255	53075	35409	75370	57108	70893	64335	64791	66568	68905	55292	33452	27459	37292	32010	27897
AT5G64860.1	DYE1 - dehydrogenase, E1 component	8.72E-02	1.75	100	3	3	6h	10h	105389	151655	178021	134677	145159	107384	88878	123415	101920	150393	122717	95453	83187	129774	99496	106727	77013	144888	115582	130322	
AT3G17390.1	MTO3, SAM53, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	8.78E-02	1.39	1613	21	12	0h	0h	12607995	15469380	15152244	17864825	18646618	16473966	20886710	20752645	17444395	21869685	19821190	15621448	18926124	16459740	14579744	20239796	18712315	21024143	18914498	20220101	13968623
AT3G49360.1	BX1, ATBX1 - beta-xylosidase 1	8.79E-02	2.36	771	12	12	0h	0h	4552928	3876573	2118261	1223596	1958099	2101070	1558101	1630542	1873541	1007057	2021324	2419432	1201296	1077763	2355596	1089132	1520433	1866131	2010573	1823991	2010901
AT1G72680.1	ATCAD1, CAD1 - cinnamyl-alcohol dehydrogenase	8.82E-02	3.30	53	2	2	0h	8h	31891	43304	28855	37712	75922	24919	124773	82069	46238	126929	73988	42397	191022	71158	54744	90184	110341	64462	97611	64196	75719
AT4G28730.1	Glutaredoxin family protein	8.91E-02	1.34	54	1	1	10h	10h	159655	182166	185600	190732	167786	158224	187055	126901	130505	154685	183983	204739	165196	172922	205931	116390	148336	142604	169952	135562	136020
AT5G20290.1,AT5G59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	8.92E-02	1.68	583	8	8	6h	8h	3334462	2896864	3748148	2625551	3472626	2875354	3044937	4637282	2982632	4129571	3419975	5143854	2649356	2043688	2857621	2339003	3300243	2241252	3602516	4157456	2485071
AT5T22080.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	8.98E-02	1.38	372	7	7	0h	10h	2826507	2963634	3388002	1950898	1706462	2284774	1758699	1904566	1830555	1749035	1904213	2284798	1748062	1989139	2230552	1702861	1883668	1976888	2490272	2085805	2381794
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	9.02E-02	1.41	237	3	3	0h	4h	554710	448408	457555	548467	493105	514955	532011	487063	538686	534943	535188	781012	571603	535830	516166	459566	489841	541882	873653	596723	588382
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - polyA(A) binding protein 2	9.04E-02	1.82	301	6	4	24h	4h	282822	272376	331526	262339	286989	300732	305794	269277	248926	86411	222997	190138	297005	286132	274088	189813	162279	351158	231519	386655	289600
AT4G03160.1	MCCB - 3-methylcrotonoyl-CoA carboxylase	9.12E-02	2.89	56	1	1	0h	0h	7260	5273	5265	4329	5220	5708	4393	4568	2846	5202	3162	1926	2251	4835	1887	426	2785	2069	4079	1027	3580
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	9.12E-02	1.18	352	8	6	6h	24h	3388429	3562221	3579891	3617720	3409692	3239256	3451201	2984154	3517676	3136025	3327188	3198735	3271733	2742281	2961177	3485655	3573869	3290815	3376023	3007057	2519036
AT3G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	9.14E-02	1.97	191	3	3	24h	4h	1505375	82372	106140	127495	101276	120999	95006	57644	138593	116378	106895	165639	102097	174953	120307	141103	115205	154997	186217	168135	220416
AT3G42100.1	ATBG_PPAP, ATBG_PAP, BG_PPAP - beta-1,3-glucanase_putative	9.15E-02	2.10	69	2	2	24h	0h	279438	296844	287807	270714	270646	273031	285488	304868	261575	265893	225654	504655	284384	295408	283594	153662	222894	192908	601968	319560	276669
AT3G25351.1,ATSG16070.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	9.16E-02	1.31	292	5	5	24h	0h	306369	292563	296910	352687	326291	287132	370014	355592	335124	347892	337952	285535	425865	394682	340698	348553	322110	322906	448881	393381	331035
AT5G65720.1	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	9.32E-02	1.76	57	2	2	2h	6h	5032722	3866	27017	42318	41921	59299	33230	41463	32217	72787	49026	65720	61719	52816	46925	28999	69991	41961	72174	53208	57105
AT3G56460.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	9.34E-02	1.52	239	7	7	4h	4h	420221	545367	505976	486099	435324	481975	441804	364693	391079	400515	570831	554053	472457	557427	517555	395134	412503	515662	614335	468029	739784
AT2G37930.1,AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	9.48E-02	1.93	3267	41	41	24h	8h	13389539	80337417	28480682	17469183	19635469	18936208	18128119	10465815	17595433	67364244	16625892	16036154	93718053	93012408	112757788	118463498	156129310	160808276	189592090	214829525	157483905
AT2G25230.2,AT2G25230.1	ROF1, ATFKBP62, FKBP62 - rotamase FKBP 1	9.52E-02	1.34	59	3	3	6h	24h	631434	546796	704039	606470	636208	631228	642671	775918	858579	643274	590837	468789	635057	757349	757366	732190	667394	774433	559964	635142	733839
AT4G22180.1	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	9.52E-02	1.59	69	2	2	6h	24h	53525	47390	47230	62755	56451	42021	50692	49927	39488	35999	44237	48776	38598	54639	53557	55947	52322	58882	52006	67325	85907
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	9.64E-02	1.29	247	6	6	24h	2h	861538	1002206	855017	924914	807999	831242	930197	952051	819958	850931	1120494	819656	889409	1016245	1036607	1016180	899474	1239274	1086091	991501	
AT2G30200.1,AT2G30200.2	catalytic;transferases;lacyl-carrier-protein) S-malonyltransferases;binding	9.70E-02	1.23	504	7	7	0h	24h	2099969	2126910	2153735	2187517	2171781	2002419	1873838	2088278	2060897	1964153	2075405	1413516	1896117	1823075	1981071	2039782	2016895	1917928	1637307	1898533	1658619
AT3G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	9.71E-02	8.05	175	4	4	6h	6h	7042	26195	31178	7734	7720	17130	10312	14548	918	5236	2091	679	2523	5493	12310	16583	9223	16308	6092	10316	7981
AT1G74070.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	9.75E-02	2.41	23	1	1	4h	4h	81500	72695	45835	34474	30311	43842	31610	23782	27672	20339	28917	59133	34681	32277	55944	31706	28810	35635	56488	28407	30151
AT3G20390.1	endonbonuclease I-PSP family protein	9.75E-02	1.17	564	10	10	6h	6h	7647191	7511261	6656142	6828498	6329476	6395772	6457311	6070440	7467983	7017294	6814762	8061108	6859179	6517684	6049538	5968942	6240569	6558780	6288312	6856803	7091564
AT3G25770.1,ATG13280.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	9.75E-02	1.86	110	3	3	2h	2h	84467	121332	140118	83846	115016	96652	114194	95043	148729	126542	144531	113180	135728	220260	145275	127575	189996	161881	108152	217588	223053
AT1G72910.1,ATSG16070.1	Tail-interleukin-Receptor (TIR) domain-containing protein	9.82E-02	4.34	151	3	3	24h	0h	97569	34528	143063	179344	189863	169017	179545	156872	143383	138339	173770	119886	211355	154536	198238	137108	222215	97470	65733	102496	303614
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	9.83E-02	1.23	843	15	15	2h	24h	5208840	5765951	5954073	5666613	6368020	6301145	5842661	6006109	6320881	5704382	6038515	5316667	5302009	5594069	5591585	5591387	6219769	6013084	4113850	5940870	4826813
AT3G19760.1,AT1G51380.1	EIF4A-III - eukaryotic initiation factor 4A-III	9.85E-02	1.84	100	2	2	0h	0h	37441	38042	47129	50618	62461	51866	54026	67373	68610	50154	55317	79296	62779	86297	52554	38643	47772	73448	59954	66311	99102
AT2G06050.1	OPR3, DDE1 - oxophytodienoate-reductase 3	9.92E-02	1.73	231	4	3	24h	2h	547711	407488	274723	295126	247539	319299	268556	235462	298294	365799	332005	548593	464215	606881	378418	347853	349183	662845	528860	330305	632042
AT1G31590.1,AT1G36120.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	9.94E-02	1.50	675	12	12	0h	0h	3339119	4048014	2578747	2380275	2583298	2599207	3074226	2431996	2724552	3271075	3166977	4325482	2735079	2666725	3429320	2647394	3179551	3193977	4701692	3722161	3623585
AT5G59420.1	ORP3C - OSBP(oxysterol binding protein)-related protein 3C	1.00E-01	1.67	67	2	2	0h	0h	41994	46428	67827	71404	81678	75068	64724	56953	59099	73325	56140	48957	64900	56147	77065	79816	86815	78113	50800	100685	109161
AT3G44310.1,ATG44300.1,ATG44310.2,ATG44300.2,ATG44310.3,ATG44300.3	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	1.01E-01	1.29	1169	14	14	6h	24h	28394205	30991622	26257492	23271932	23563352	26433349	29767352	22761651	25479595	32642964	25780637	35898805	26034879	28943453	29639479	26623187	27227865	29585250	32294834	27867496	34107946
AT4G19410.1,AT4G19410.2	Glycosyl hydrolases family 32 protein;protein with chitinase insertion domain	1.01E-01	1.81	27	1	1	24h	8h	8664	10582	7239	6587	6553	9197	8607	7204	5978	7130	5375	6993	5192	3224	4600	3872	9024	7072	5273	3938	13274
AT3G25960.1	Thioredoxin superfamily protein	1.02E-01	1.14	701	11	10	2h	24h	16994389	16797487	17568953	18037491	17398869	17885694	16233051	16624759	17685602	16347081	17802299	16987059	16676822	18013316	17881378	16021459	19066459	16328091	15793418	15417684	15696134
AT2G43820.1	GT, UGT74F2, ATSAGT1, SGT1, SAGT1 - UDP-glucosyltransferase 74F2	1.02E-01	2.38	143	2	2	24h	4h	69593	65480	21862	60071	58517	44496	61444	52297	32923	99106	56650	32314	52734	84181	68192	74660	84800	80959	89169	116777	143488
AT2G16210.1	unknown protein	1.03E-01	3.00	43	1	1	6h	6h	12285	29954	45349	25917	21804	16700	19806	30757	13263	4059	14384	17476	21562	13948	26893	12288	9206	11705	24842	27445	41333
AT1G26400.1,AT1G26390.1,ATTG26420.1	FAD-binding Berberine family protein	1.03E-01	1.39	76	3	2	24h	2h	2621095	3752912	3400853	3221523	2441603	2603331	2193266	2436255	2436826	2334603	2201859	3205367	2157738	2647216	2276674	2607159	1983838	2454181	2380010	2384036	2465248
AT3G19493.1	Plant self-incompatibility protein S1 family protein	1.03E-01	1.81	26	1	1	0h	24h	855023	1407605	953727	937840	752279	899729	721115	600325	1031503	880624	616808	1134868	609789	684466	859258	749058	801719	816233	681704	533927	559880
AT5G56940.1,AT2G40590.1	Ribosomal protein S26e family protein	1.03E-01	1.61	152	3	3	10h	10h	690489	688080	1010313	694963	788041	695852	787357	1098244	1086641	825870	952665	689727	497983	723507	603575	708908	667948	633165	969558	498000	
AT4G26160.1	Metal-dependent phosphohydrolase	1.04E-01	1.61	57	1	1	4h	4h	97340	125502	80168	85022	77009	90465	78485	70541	78909	96561	120841	125637	108422	96996	90143	123479	98902	70480	148695	128436	89344
AT4G33445.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamma-2 COP, putative	1.05E-01	3.15	189	4	4	24h	4h	33666	6948	65246	62577	86910	47882	42908	44456	69544	61163	86228	43292	57774	30122	41906	37644	75008	72465	98171	144485	91161
AT4G19410.1,AT4G19410.2	Pectinacetylesterase family protein	1.05E-01	1.90	628	12	8	24h	4h	1655019	2551125	2012335	1140254	1134912	1575143	1550465	923622	1186539	1253920	1007030	1587734	1344674	1533779	1709740	2009152	1485253	1957516	2386084	2330402	2126211
AT3G22170.1	FHY3 - far-red elongated hypocotyls 3	1.06E-01	1.68	24	1	1	0h	10h	4630	5852	8617	9927	6461	6997	8563	11392	10470	11136	5355	7325	10138	9539	10113	11864	11336	8849	5072	8012	8565
AT3G26920.2	FBD / Leucine Rich Repeat domains containing protein	1.06E-01	3.44	20	1	1	10h	0h	52985	162778	87999	61485	61384	47744	61378	76410	200366	77705	59145	165100	83210	55668	225287	46600	46998	72340	235393	149630	185998
AT1G21610.1	CCD7 - carotenoid cleavage dioxygenase 7	1.06E-01	3.00	43	1	1	0h	0h	176705	16875	12196	240599	222947	144429	200592	18496	30757	152507	289719	215607	256105	209227	280735	208644	278355	307108	209678	241870	150318
AT1G12780.1,AT1G63180.1,AT4G10960.1,AT4G10960.2

AT5G36210.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.23E-01	1.51	134	3	3	10h	6h	581356	607043	700427	873537	697229	708130	645186	676610	695425	716990	438362	651568	814794	555330	632742	864349	997678	870229	881005	718057	532356
AT4G09160.1	SEC14 cytosolic factor family protein / phosphoglyceride transfer family protein	1.24E-01	2.53	22	1	1	4h	8h	4689	8181	3795	5591	8288	4186	8486	6643	4687	4417	3064	9961	5796	1085	947	4195	4497	1511	4579	6045	8070
AT2G35620.1	FE12 - Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.24E-01	2.34	26	1	1	0h	8h	24440	40929	30960	37982	12627	23008	23245	19558	11043	28338	23205	18203	11466	10384	19262	13077	22075	17361	17948	12632	26493
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	1.25E-01	1.60	241	2	2	24h	0h	227154	224381	189105	161837	255059	290128	280440	222398	215766	249275	240244	347153	248021	311905	280443	295951	205892	216311	412900	288539	323150
AT3G23490.1	CYN - cyanase	1.26E-01	1.39	435	6	6	6h	2h	669414	575398	507664	401891	550985	644879	748726	595295	635371	707743	665578	854572	634749	731905	639535	586315	572872	581520	821988	569287	703999
AT1G31910.2,AT1G31910.1	GHMP kinase family protein	1.28E-01	2.67	76	1	1	0h	0h	32911	24648	20768	37463	35091	48474	52136	35568	35071	37314	38806	104717	44095	53516	31373	30411	24601	34655	122508	46919	39542
AT1G23820.1	SPDS1 - spermidine synthase 1	1.28E-01	1.28	612	9	6	6h	2h	870649	967621	810039	828205	835806	836299	1059258	859292	914004	1016077	959486	1223513	885846	766544	853252	970865	1004421	855836	1328670	1011533	848086
AT1G43670.1	Inositol monophosphatase family protein	1.29E-01	1.11	1125	12	12	10h	24h	7681715	8100557	7987394	8686174	7874850	7581387	7573284	7835994	7651697	8055387	7309457	7930633	7572158	7808053	7354695	8066663	8196607	7913617	7717246	6857141	7291588
AT5G49970.1,AT5G49970.2	ATPPDK, PK3, PK3, PPDK - pyruvate,{orthodiamine} 5'-phosphate oxidase	1.29E-01	1.61	250	5	5	0h	0h	199715	248279	260760	301659	244974	223874	255646	252962	217842	284914	229987	411026	280842	283419	277757	280960	298753	470598	500282	295983	341646
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	1.30E-01	1.31	1327	21	7	0h	0h	12718564	11304759	13015171	9839253	9850561	11626428	10055085	9913475	11952289	8718127	8928542	10610681	8626883	9612693	11240482	9427137	9715206	11241690	10136744	9732637	12138674
AT4G14800.1,AT3G22630.1	PBD2 - 2OS proteasome beta subunit D2	1.30E-01	1.41	73	2	2	24h	0h	209859	196777	186365	173568	210277	175187	228584	208594	212560	196987	224192	182994	210007	201647	187267	255050	256190	177987	325912	259665	205320
AT3G13860.1	HSD10-3A - heat shock protein 60-3A	1.30E-01	1.93	145	3	3	6h	6h	37679	33580	40625	66850	40788	37736	54205	55120	58398	54822	30497	11398	51477	69859	44170	53072	57182	55864	56383	55541	30420
AT2G31260.1	APG9, ATAPG9 - autophagy 9 (APG9)	1.31E-01	4.46	25	1	1	2h	8h	29337	17870	26241	36619	19898	17999	8942	22502	23465	27738	30700	150177	7535	30201	9044	19664	19981	31611	80315	33086	28135
AT5G28060.1,AT3G04920.1	Ribosomal protein S24e family protein	1.32E-01	1.96	175	2	2	6h	6h	397700	255059	478920	254995	360497	249566	381287	478541	283895	494119	360457	398065	286446	194656	159025	241295	397410	191585	351714	497425	234821
AT5G66410.1	Ribonuclease H inhibitor RnaA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	1.32E-01	1.92	76	2	2	2h	2h	44966	61855	37571	27083	36054	29759	64625	43350	46845	42157	37994	60229	38263	32801	40486	41186	60988	47355	57085	58873	61771
AT4G14030.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	1.32E-01	1.19	412	8	2	6h	6h	678168	657252	605802	610801	631665	606827	671895	708180	533437	721553	689288	782681	663029	635324	576831	639076	743081	718401	733025	659334	687555
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	1.32E-01	2.00	65	1	1	4h	2h	30990	28366	16729	39652	11931	25556	34842	31170	17633	28794	31104	33194	29814	40581	23723	28804	38331	32325	51457	47281	53475
AT1G55450.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.34E-01	2.34	22	1	1	10h	0h	72685	77951	145837	131812	71491	111889	136384	203778	247291	199750	134605	143418	169165	230785	145124	239137	229125	185553	93543	109092	135161
AT3G13450.1	Ribosomal L18 family	1.34E-01	1.72	136	3	3	0h	4h	540741	363060	278700	175036	241985	295806	277366	196017	224260	385318	275093	177808	253719	233708	248115	188076	403996	361500	326343	416443	229406
AT4G18040.1	EIF4E, CUM1, AT.EIF4E1, eIF4E1 - eukaryotic translation initiation factor 4E	1.37E-01	2.22	51	1	1	24h	6h	26073	26649	29107	38259	33518	33074	18996	37741	41527	7375	23870	20814	33153	34531	31520	22090	14945	38835	29624	28318	57840
AT2G42740.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	1.38E-01	1.54	114	3	3	0h	10h	402989	482821	699308	461539	554220	469872	483344	738581	510344	711140	550174	741805	443090	396291	468103	453080	452230	393045	459139	662460	430016
AT1G17050.1	GLYR2, GR2 - glyoxylate reductase 2	1.38E-01	1.24	502	8	8	0h	0h	2737404	2094119	2074714	2082545	2225863	2174409	2272328	1961638	2272648	2260349	2007725	2031554	2218204	1835099	1873736	1836145	1907871	1833385	1886602	1990619	1914579
AT5G20080.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	1.39E-01	1.27	276	7	7	24h	6h	949764	1013069	796287	799525	714316	849603	856669	847284	690771	651659	751459	837868	860714	783047	792157	679163	945712	787595	933100	961205	961797
AT3G20010.1	RPS2 - ribosomal protein S2	1.40E-01	1.64	131	4	4	0h	4h	1074369	875321	798116	678229	568940	667151	549719	595275	528690	698505	703542	376866	691234	476539	553986	589055	805460	575171	851588	689740	500526
AT5G38480.1,AT5G38480.2	GRF3, RC5 - general regulatory factor 3	1.41E-01	1.29	947	14	8	0h	8h	5144487	4761072	4294172	4633142	4679864	4548026	4608716	4648211	4515127	4155318	4189738	5375215	4014940	4043353	4035235	4124024	4411600	4593709	4706614	4610236	6234022
AT4G27480.1	Lung seven transmembrane receptor family protein	1.42E-01	1.58	30	1	1	0h	10h	134793	103035	72129	70913	76918	69196	68426	70920	56798	88469	60932	98583	81107	76243	87997	115732	98734	96294	130993	101046	65084
AT4G27450.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	1.42E-01	27.39	43	1	1	24h	0h	57153	23827	872	1799	3481	4794	1072	431	2247	2755	2017	2141	4463	985	8903	2279	1227	167	705	93	2190
AT2G40601.1	Serine/threonine protein kinase family protein	1.43E-01	1.65	93	2	2	24h	4h	464647	397972	308165	225640	303954	284915	357380	269459	334244	282748	328452	481761	332059	346885	418289	573492	206598	319453	393072	394874	552942
AT4G03080.1,AT1G08420.1,ATG27210.1	BS1 - BIR1 suppressor 1 (BS1)-like 1	1.43E-01	1.35	189	5	5	24h	4h	245638	188261	257221	200554	167680	232035	181393	197917	196782	224171	214155	235387	183028	212659	213932	202640	212001	272331	235027	278303	261738
AT2G33830.2	Dormancy/auxin associated family protein	1.44E-01	14.16	72	1	1	6h	6h	350383	280693	266901	119368	134863	163397	73959	86546	154399	14950	48456	0	63899	81493	108620	59454	34757	86781	7888	77393	48419
AT5G01530.1	CP33B - chloroplast RNA-binding protein 33B	1.45E-01	1.22	158	4	4	0h	2h	913168	1030899	1052926	728232	794383	918036	994426	907747	783645	910692	868606	852228	933369	974887	868064	822806	819735	1058702	810280	948261	1054225
AT5G26600.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	1.46E-01	1.58	21	1	1	24h	8h	522921	488741	541883	612710	478275	505233	507677	484685	553964	596633	560539	572700	876447	651598	460682	453070	483528	491382	296946	412618	546253
AT3G29360.1,AT1G26570.1,ATSG01010.1,ATSG01010.2	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	1.47E-01	1.39	357	9	8	6h	0h	916139	1073132	996534	1364822	1287796	1019570	1358727	1364086	1123165	1418505	1374308	1343737	1293862	1369562	1090954	1342671	1380266	1405379	1386083	1309664	812907
AT1G80310.1	PFC, SAC7, DPSHPSC, SPP5427 - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	1.48E-01	1.50	416	7	7	24h	6h	5943888	4887920	4725548	6279308	5729643	6718082	6428706	6448211	4515127	4155318	4189738	5375215	4014940	4043353	4035235	4124024	4411600	4593709	4706614	4610236	6234022
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.48E-01	1.37	188	4	4	10h	4h	404314	444959	432910	387459	449692	339615	403436	491026	387462	387306	378725	544607	493592	527079	402028	321197	388317	432024	528067	475249	558371
AT5G22800.1	EMB86, EMB0100, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	1.48E-01	1.28	692	15	13	2h	2h	909709	964782	1188696	1330662	1219505	1128674	1001639	1210633	1159825	1213517	1074281	1119141	1118323	1128145	1077251	1178658	1198329	939358	1072044	891024	920978
AT1G66200.1,AT1G66200.2,AT1G66200.3	ATGSR2, GSR2, GLN2-1 - glutamine synthase clone F11	1.49E-01	1.48	1459	21	5	6h	4h	7113228	7480855	6677317	6885378	6342254	6938980	6198152	6149903	5968572	6702008	6934648	7911426	5768961	7131109	7003603	6134777	5772318	6425067	7389176	6680247	5752266
AT2G24310.1	Protein of unknown function (DUF239)	1.49E-01	3.99	21	1	1	24h	2h	6008	8873	6900	7049	14319	4568	16095	22466	5658	3752	19095	2632	9152	7609	30728	4075	2890	9623	957	2890	9623
AT4G35260.1,ATG35650.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	1.51E-01	1.89	243	4	2	0h	10h	352800	247116	181256	262256	244814	257308	243905	210089	198076	225053	213513	417749	213942	246934	273163	177861	179160	260090	537621	283626	345348
AT2G45820.1	Nemorin family protein	1.52E-01	4.11	44	1	1	24h	0h	60289	74022	29794	41387	56249	49496	54660	29289	52371	24358	43174	87738	41971	41961	45342	16309	23130	22254	168838	47844	37078
AT5G42980.1	ATTRX3, ATHTRXH3, TRXH3, TRXH3 - thioredoxin 3	1.52E-01	1.51	53	2	2	24h	10h	188289	155830	180967	185992	150259	121574	142053	112449	185237	121870	211735	177445	157549	128450	129416	123153	118966	129617	164412	222876	165362
AT4G20360.1	RPS14 - chloroplast ribosomal protein S14	1.52E-01	1.89	27	1	1	8h	0h	870409	817972	531034	445976	390467	492924	519046	380923	363956	582035	404557	267506	479968	354898	337611	394096	583177	285592	602677	410018	341949
AT4G04490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	1.54E-01	1.24	809	13	13	4h	0h	9354560	9600148	9157747	8781042	9709229	9577780	10942482	8759005	10027046	9564415	8999329	10746594	9167945	8274265	10088278	8666891	9380633	7773318	9282042	7752820	7003445
AT1G60915.1	FAD-A, ATFAD-A - FAD-dependent oxidase-like superfamily protein	1.54E-01	2.74	37	1	1	0h	0h	177190	93640	186445	630444	377097	245709	205764	474400	250529	330929	441681	72001	391006	302610	127384	391304	428928	413810	122691	222125	282714
AT2G31083.1	CLE5 - CLAVATA3/ESR-RELATED 5	1.56E-01	2.86	21	1	1	6h	6h	20380	22430	13141	39270	11509	9357	14196	30987	18703	11419	6049	11825	17713	22321	17566	22542	7771	13856	24466	26352	32879
AT2G39030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	1.57E-01	142.30	28	1	1	2h	8h	1388	9	79	630	0	0	0	1453	0	0	3023	0	5907	83151	595	12818	8239	4419	0	4776	28137
AT5G42250.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein	1.57E-01	9.10	60	1	1	8h	0h	299	0	3891	573	11179	5785	7232	1382	8454	7784	7254	64	16169	7455	14479	9011	24302	3333	15762	16283	6802
AT4G49660.1,AT4G49640.1	AtCKE5, CKE5 - carboxeyterase 5	1.58E-01	1.77	127	3	2	10h	24h	117166	167376	141723	191142	133692	120771	154642	205217	146245	230250	229715	189585	170863	248280	149987	184097	328449	143159	165757	128596	75142
AT3G22300.1,AT3G22300.3	GIR10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	1.58E-01	2.18	6904	136	108	9	4h	2188604	2364308	2063225	1666950	2127986	2090764	2153144	1662138	1918825	1937534	2131842	2430254	1762423	1710298	2127092	1922443	1845876	1983740	1993141	2453821	2601036
AT1G21910.1	HSFN3, HSFA3 - heat shock transcription factor 60	1.58E-01	1.24	534	11	7	6h	6h	689419	565872	546752	598661	626999	566727	530674	612563	544702	667175	738397	615785	679245	641565	652790	629736	696732	642403	869019	617936	650030
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-rRNA ligase	1.58E-01	1.39	703	15	15	0h	0h	1050217	1101206	857991	977436	877507	844248	971901	766054	715920	910004	884127	1168630	806598	824151	701150	744187	853413	568510	1052502	682869	773768
AT5G09380.1	RNA polymerase III RPC4	1.59E-01	1.90	22	1	1	0h	0h	337862	410773	336177	320380	326957	343713	266475	310506	349010	209474	336225	187689	226810	203993	312955	271124	234724	330277	231436	357172	373489
AT1G02560.1	CLPY5, NCLP5, NCLPY1 - nuclear encoded CLP protease 5	1.60E-01	1.42	402	6	6	8h	8h	1966442	1561207	1406773	1904719	2425598	2279913	1946144	1640730	2686990	2129261	2275269	1862870	2078499	1094927	1482150	1692946	1729562	1564494	2339807	2504465	1659988
AT5G41790.1	CP31 - CP31A	1.60E-01	1.74	49	2	1	0h	0h	99752	121090	79752	78448	68175	118211	81421	81420	68175	85811	114153	101451	95169	120315	125164	149397	92051	90683	125057	97314	107859
AT4G58290.1	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	1.61E-01	13.38	49	1	1	8h	0h	474	0	8189	44611	49802	21661	61359	33115	14580	13276	6737	25878	28947	10268	12918	3652	24043	3759	1742	3759	1742
AT4G62480.1	Vacuolar calcium-binding protein-related	1.61E-01	8.75	279	4	4	2h	2h	720829	1630699	111422	30947	129677	120756	290767	109911	65716	103186	99228	131125	92041	639178	409560	624746	294575	293345	75820	407407	528741
AT1G22060.1	PPR - pentatricopeptide (PPR) repeat-like superfamily protein	1.62E-01	1.21	1775	25	6h	6h	24h	141346940	158687545	149966100	155185162	147371030	159014337	138142154	159085344	158334922	146891125	148455973	138125445	147850653	132899524	152295534	150861454	158185201	144215081	152131158	122669973	131591283
AT4G39260.1,AT4G39260.2,AT4G39260.4	CCR1, ATGRP8, GR-RBP8, GRP8 - cold, circadian rhythm, and RNA binding 1	1.62E-01	2.25	545	8	6	0h	6h	4196109	4227223	4589914	3516429	3843533	3483721	2995427	4559722	4479425	4925157	2089685	3199784	3161426	2820393	4842780	3003830	1270980	4995983	3040532	3476053	3668385
AT1G22430.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	1.63E-01	1.95	90	3	2	0h	0h	226314	243986	183425	165840	204246	235679	148265	126011	141310	127652	132538	115515	168565	138009	118633	80368	164371	89686	82241	121771	317741
AT4G16830.2,AT4G16830.3	Hyaluronan / mRNA binding family	1.63E-01	3.21	267	5	3	0h	0h	143146	288293	103157	135602	159622	233665	58823	227516	168450	1409	12434	214777	52823	227516	83965	39679	259972	5855	5953	252091	155359
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.63E-01	1.38	1487	17	17	0h	0h	10741530	11816686	8656769	7955735	9583137	8697083	9571253	7922329	8197141	7162233	8926239	10767036	7850040	8569612	9727023	7351739	7376087	7968907	8135141	8006502	8474677
AT3G09630.2,AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family	1.64E-01	Infinity	351	7	1	6h	0h	0	0	0	0	0	0	89	0	0	24618	1910	0	0	27	0	0	0	0	201	0	0	0
AT5G47770.1	FPS1 - farnesyl diphosphate synthase 1	1.64E-01	1.27	257	5	5	0h	0h	646935	601263	625534	603868	581115	656866	564750	585693	658269	596688	626039	501668	528663	416077	609723	598101	494097	587769	401638	527647	541775
AT2G20450.1	Ribosomal protein L14	1.64E-01	1.89	126	2	1	0h	10h	44680	46437	91695	64702	92015	74471	48671	111401	63267	91904	71840	128490	60736	37535	58705	45020	65931	43774	112518	112618	55793
AT2G45220.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	1.64E-01	1.49	123	2	2	4h	4h	181584	293415	188671	40806	126772	202086	211761	20740	77285	151586	210524	249204	137887	146279	250146	124677	101093	108782	259678	190846	227158
AT5G24400.1	PMI2, PMI-2 - Hyaluronan/mRNA binding family	1.64E-01	1.55	92	2	2	10h	0h	163669	305157	212877	106049	133527	112647	141296	141776	123132	101150	145599	160255	119709	139971	148519	156593	162681	169381	123867	70452	122200
AT2G02500.1	ISPD, ATMECT, MCT - Nucleotide-diphospho-sugar transferases superfamily protein	1.65E-01	1.25	114	2	2	0h	0h	232482	259787	269803	228553	229170	231083	228686	216907	227690	195578	178307	262343	193369	214244	224415	211226	179657	220730	223659	228159	244520
AT3G53580.1	diaminopimelate epimerase family protein	1.65E-01	1.19	376	6	6	4h	8h	1892565	1896077	1631703	1688187	1820565	1747164	2000133	1592912	1852828	1902612	1472392	1906194	1469152	1384363	1716415	1558432	1786011	1470261	1546719	1555113	1488392
AT4G35180.1	glutamate-ammonia ligases;catalytic;glutamate-ammonia ligases	1.66E-01	1.90	117	3	3	24h	4h	173863	178764	78270	91048	87997	149643	102114	99579	96828	127689	121301	204801	112347	118982	133197	121170	189381	116476	205799	212090	148092
AT5G19080.1	SAL1, ALX8, FRY1, HOS2, RTF2, RTF1, RON1 - inositol monophosphatase family protein	1.66E-01	1.25	285	5	5	0h	0h	1190740	1269433	1188489	937335	985871	1010394	964451	932180	1041627	1045109	1238036	1039593	1173214	943679	1180754	961995	1053504	893566	1084398	1391599
AT4G33510.1,AT1G22410.1,ATHG33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	1.67E-01	1.39	289	7	6	2h	4h	560683	404791	500439	646129	556563	500192	403503	435866	382697	420462	647235	380745	448530	419115	373438	373246	430047	470636	447970	689426	512990
AT3G08030.1	Protein of unknown function, DUF642	1.67E-01	1.36	503	11	11	0h	0h	4152398	6841820	4470316	4224261	5010622	4458935	4709429	4745622	4475900	4093070	5286709	4975632	4037530	4682464	4710400	3887645	4387432	3546063	3524581	3817044	4018514
AT5G43970.1,AT5G43970.2	Glutaredoxin family protein	1.67E-01	1.45	351	5	5	24h	2h	1658942	1539870	1529243	1327505	1618031	1451664	1768778	1573985	1847342	1475211	2051303	2331136	1756667	1690572	1755516	1878056	1886304	2705657	2129754	1534105	2045213
AT3G26782.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.68E-01	1.78	21	1	1	0h	10h	38795	27971	32671	30391	26956	32956	26252	23829	34426	51034	35821	36889	26375	23126	43346	18710	15739	35220	40707	33623	29029
AT3G61540.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.68E-01	1.62	22	1	1	6h	6h	72923	64249	45501	58915	44092	51058	48639	38339	48551	63261	60750	95157	38635	68975	54917	41424	40817	53531	104256	60317	50816
AT1G05560.1,AT4G15550.1	UGT1, UGT1 - UDP-glucose:flavonoid 3-O-glucosyltransferase 7581	1.68E-01	1.53	273	5	5	0h	0h	128415	90997	135632	172120	120086	104227	183350	128616	104241	164190	120831	116233	133701	165811	164843	159832	136215	158644	172902	192104	177068
AT4G36020.1	CSDP1 - cold shock domain protein 1	1.69E-01	1.56	136	4	4	6h	6h	166213	139279	162758	153236	138973	164692	170652	173842	170126	98239	193251	83865	212437	214540	157112	157600	161853	186396	139304	202503	179673
AT3G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	1.69E-01	1.35	454	8	8	8h	0h	1353256	1099018	915607	1479007	1068956	1337067	1542076	1571875	1075158	1799869	1649816	1514010	2058982	2017584	1123096	1416821	2035299	1514005	1487001	1249053	1102546
AT5G10710.1	PCMP-H50.2 - CYP 7	1.70E-01	1.23	130	3	3	24h	4h	130155	129238	164198	148041	141669	129599	153209	173333	156500	125577	158105	130049	142714	176257	155703	159629	145882	194838	194861	169763	144448
AT4G21445.1	unknown protein	1.70E-01	2.07	73	1	1	8h	8h	48519	25517	70380	51559	59732	59217	36735	51995	53259	36449	94791	57126	40950	24046	47084	30452	42200	48465	65694	97286	69025
AT4G18070.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	1.70E-01	1.23	307	7	7	24h	4h	323301	401133	361689	353136	340409	394154	368237	310538	339374	354257	272870	297553	359186	378769	380954	315281	405411	382173	371149	389553	384564
AT2G04031.2,AT2G04030.2	CRB6, ATHCF6, HspB8.1, HspB8.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	1.71E-01	1.48	1429	22	19	6h	6h	3320950	2768622	3185572	5796442	4316461	4801376	5213320	5375515	4812474	4653496	5927435	5845885	4900805	5031591	4232395	4768659	5590892	4547252	4682878	6032263	4932471
AT4G27920.1	HSN6B - HISTIDINE BIOSYNTHESIS 6B	1.71E-01	1.60	67	2	2	10h	10h	69205	75210	51608	41998	59042	48507	54778	50312	53117	50662	53205	71107	43193	59675	60742	55858	34169	41243	91150	50771	67583
AT2G01710.1	RPOC2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	1.71E-01	2.13	21	1	1	0h	0h	880359	846549	584470	573938	540107	909021	649852	499094	531124	516553	411290	155570	540275	760605	642318	330610	460818	667785	404868	526120	1015604
AT4G11600.1	Family of unknown function (DUF716)	1.72E-01	2.62	31	1	1	0h	0h	111156	189778	188160	60448	185039	194059	196464	81801	82036	98526	75029	193745	73537	155129	150925	92882	95089	128826	144264	113075	229989
AT3G01080.2,AT1G01080.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.72E-01	1.18	167	5	5	6h	6h	588228	599066	652686	724239	674366	671009	694186	793126	616494	559935	574721	648510	644429	716866	732236	579183	568595	726140	735100	706275	621215
AT2G23120.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	1.72E-01	2.46	1129	28	27	6h	6h	2466129	1728433

AT1G12050.1	fumarylacetoacetase, putative	4.67E-01	1.37	141	4	4	0h	10h	737534	899541	742786	630584	565514	750168	670982	488025	627707	566113	585536	826920	679405	503354	647330	527928	621143	587507	565476	608228	1122551
AT1G74960.1	FAB1, KAS2, ATK4S2 - fatty acid biosynthesis 1	4.67E-01	1.71	30	1	1	0h	24h	128127	117372	77861	114163	72842	84657	101131	99215	60948	96674	105992	119955	137929	66912	44498	71188	116304	63019	73480	69335	46289
AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	4.67E-01	1.95	45	1	1	24h	0h	2368	730	10415	6143	5528	4025	1035	8169	5136	4170	8683	4052	6148	7946	3905	5864	7938	10075	5463	8181	12755
AT4G05200.1	CRK25 - cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 25	4.68E-01	3.04	29	1	1	0h	6h	76393	115695	79886	79671	77578	84763	67466	55678	90987	70817	18601	0	79518	78787	89468	41429	55492	76526	0	55872	104892
AT5G41170.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	4.69E-01	2.69	22	1	1	0h	24h	99238	58088	228645	128340	58765	81273	55707	143705	71028	46449	66648	76142	99845	66928	112063	83526	63648	70122	62791	172757	273901
AT4G14681.1	APS3 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	4.70E-01	Infinity	413	7	1	24h	0h	0	0	0	0	0	18	0	0	0	0	5959	0	0	0	0	15	0	23651	11	0	0
AT1G18620.2	unknown protein	4.70E-01	1.75	30	1	1	10h	24h	431138	450432	536754	530160	417081	512809	499499	612526	526885	636583	596206	283010	630103	314229	481811	612694	820836	352157	266738	385912	369158
AT3G65430.1	GRF8, 14-3-3GAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	4.71E-01	1.27	703	10	2	24h	8h	761212	844592	822056	755283	837974	778067	892350	579106	977852	934389	844018	868827	734813	564215	890463	741303	776594	734271	1040678	792010	944393
AT5G47310.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.72E-01	1.18	199	4	4	0h	8h	908560	920000	933459	895866	774847	1028831	826753	893485	950278	878718	900964	1078760	747658	865010	936922	957587	940455	1099440	1009262	903933	921775
AT1G52315.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	4.73E-01	3.34	25	1	1	0h	8h	144601	84517	373056	358875	397055	353710	110047	161791	393913	89313	263165	0	98101	111413	123044	219733	320577	253210	1186	459877	175704
AT5G65620.1	Zinc-ion like metallopeptidases protein	4.73E-01	1.19	1204	25	11	0h	24h	2152051	2414502	2332462	2033700	2001037	2075700	2002278	2181537	1957041	1862148	2183727	2038134	2744834	2164679	2054524	1876188	2050773	2264789	1903188	2626925	2009655
AT1G63170.1	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein L3 family protein	4.74E-01	1.82	465	9	7	6h	0h	719532	623751	1263127	588690	1134554	654154	940428	1630946	804440	1663415	1075960	1154001	722124	527214	892916	728814	1100510	464548	843901	1425167
AT4G23100.1/AT4G23100.2	RML1, PAD2, GSH1, CAD2, ATECS1, GSH4 - glutamate-cysteine ligase	4.74E-01	1.19	705	11	11	6h	0h	8073288	8129604	6926848	7078446	7243453	7116220	7642755	6726856	7275518	7172258	7313854	10964500	7289830	7568202	7621896	7368857	7366236	7408818	9520797	7839618	7676909
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.74E-01	1.81	95	1	1	0h	24h	64630	41179	68050	32110	49548	61872	43191	33371	56158	35267	17575	60011	42134	52925	12440	22428	43390	53638	54757	50956	88815
AT4G00660.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	4.74E-01	1.83	180	3	3	0h	4h	906083	439682	286369	402823	303484	333375	282267	318347	269764	364111	345610	397547	359343	325636	272516	500952	523516	379401	602515	402614	203480
AT2G42500.1/AT1G10430.1/AT2G42500.2/AT2	PP2A-3 - protein phosphatase 2A-3	4.74E-01	1.37	322	4	4	24h	0h	322730	186590	341579	368167	353175	312069	314168	369455	339951	390253	316992	132495	300264	360467	438391	359494	346664	399839	335611	462293	356706
AT6G43770.3/AT6G43770.1/AT6G43770.2	Peptidase M1 family protein	4.75E-01	1.19	2131	38	38	6h	8h	11350959	13141652	10071054	10957604	10169851	10149473	10737499	9149318	9990618	10454964	9651761	14717964	9671257	9641575	10070559	9408959	10151929	9909598	14500664	10202936	10082375
AT1G04040.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	4.75E-01	1.81	53	2	1	0h	24h	46793	60365	27774	52388	18789	18312	35795	38069	29095	41585	34434	85986	54606	32089	46894	31896	45149	29996	65066	42017	32409
AT5G26380.1	Meiosis sensu stricto protein	4.76E-01	2.02	23	1	1	0h	2h	15353	30793	14528	12480	14691	11330	17653	17619	17310	17203	21091	39414	8851	20152	29039	31049	19977	19646	20149	19532	22820
AT1G07040.1	unknown protein	4.78E-01	1.94	83	1	1	0h	8h	47339	23547	17918	13947	22616	21056	15978	12667	17244	15576	15587	26213	16000	18411	26743	16291	20634	22986	19773	15317	29445
AT5G48300.1	ADG1, AP51 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	4.78E-01	1.13	922	17	17	0h	8h	11174547	13332417	12962044	11412686	10626550	12495692	11031599	10653073	12165932	11751054	10490382	11585544	10810081	11729660	10709718	11995057	12454128	11774860	12176311	10281882	12400092
AT2G22080.1	PUR ALPHA-1 - purine rich alpha 1	4.78E-01	1.72	127	2	2	0h	24h	56539	44348	72407	61450	53683	56170	45153	40317	41886	32006	62631	19082	39857	56054	58282	56517	48369	86699	33840	74849	87071
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	4.80E-01	1.30	105	2	2	24h	8h	212085	293457	209671	184393	229216	233062	247374	155651	230178	182695	241371	323766	213830	170710	198734	160056	207397	226669	248272	261836	249033
AT1G07700.1	Thioredoxin superfamily protein	4.80E-01	1.65	156	1	1	0h	2h	234795	138267	160374	138327	223795	202320	141336	138029	139815	154797	163018	24229	130198	198016	190368	153714	161657	196324	99759	188064	195229
AT3G14067.1	Subtilase family protein	4.80E-01	1.39	836	12	12	0h	8h	10580242	16069203	12128097	13054949	11057573	10378541	8145059	11509400	10949231	9756605	9821970	14052295	7540215	11502297	8968547	6964149	10748084	11381625	12824023	9855568	9397289
AT4G21440.1	Peptidase propyltransferase carboxylase family protein	4.81E-01	1.50	163	2	2	0h	10h	262864	314202	295147	184310	204868	282514	241648	200393	338110	208740	200085	327005	199741	290835	213890	184690	184755	225176	136056	185300	312606
AT3G21750.1	UGT71B1 - UDP-glucosyl transferase 71B1	4.81E-01	2.40	117	2	2	4h	0h	95040	152364	190134	203492	148369	160957	114752	159589	151946	196939	199000	170363	161435	165661	120619	159139	213366	139243	709679	158639	156258
AT5G05020.1	ACP1, ACP - acyl carrier protein 1	4.81E-01	1.40	171	1	1	0h	10h	265700	200985	212732	192856	204622	206065	200196	184832	239568	189795	202779	337152	178443	171048	223142	178948	203745	140288	226094	205236	138108
AT2G27530.1/AT1G08360.1	PGY1 - Ribosomal protein L1p/L10e family	4.83E-01	1.56	51	2	2	24h	8h	424527	363421	630282	435347	549206	409203	497674	776175	513828	768733	572629	676680	419794	290730	594952	454166	585859	532384	425370	837289	332876
AT3G54220.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	4.83E-01	1.56	170	3	3	6h	0h	116183	125448	119049	152443	126461	134732	137228	135694	120429	169619	86292	45073	149719	109615	122181	116305	157625	99272	209484	118810	131864
AT4G14300.2	Methionine sensu stricto family protein	4.84E-01	1.69	26	1	1	0h	8h	36402	40955	68439	32106	17062	53713	30990	76613	41090	37644	40900	47101	52240	69576	51759	58628	30487	53230	36488	64640	37109
AT5G35360.1/AT5G35360.2/AT5G35360.3	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	4.85E-01	1.16	700	13	13	0h	10h	7265215	8115032	6334980	5988947	7026832	6906710	6983061	6574299	6358993	6968897	6768024	7671936	6505568	5690115	6478284	6149228	6932005	5563747	7947209	5984357	5809572
AT5G17530.1/AT5G17530.3	phosphoglucosamine mutase family protein	4.86E-01	1.26	162	3	3	2h	0h	231695	193184	194732	158075	172198	162573	225682	160241	187988	187651	171640	243660	173340	177309	196892	165334	206560	186875	217986	193020	164117
AT5G60990.1	Subtilase family protein	4.87E-01	1.64	24	1	1	0h	10h	109257	115494	122394	123909	129327	105027	231827	92489	96131	184383	122153	105814	108876	104780	88823	100384	148965	138604	85820		
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	4.87E-01	1.41	75	2	2	24h	4h	79485	78648	69699	65046	78223	95089	69443	59331	76306	47765	78172	111058	68823	70412	89048	93307	55884	65091	167640	89238	80922
AT1G31812.1	ACBP6, ACBP - acyl-CoA-binding protein 6	4.88E-01	1.56	89	2	2	4h	0h	387773	397102	267344	333533	498312	308436	354508	441645	371922	274483	423674	51685	404847	337808	305890	306017	315775	327681	255760	385405	348128
AT4G08780.1	AIP3, PFD4 - ABI3-interacting protein 3	4.89E-01	2.42	51	1	1	0h	6h	37400	39036	50675	70073	47720	50482	50803	69848	50943	51012	73864	182317	67644	58840	48781	64942	76589	45799	154484	51130	41513
AT5G17150.1	HGL1 - Class I aldolase family protein	4.90E-01	1.32	83	1	1	0h	8h	37680	42787	39363	42596	23311	30912	26211	30461	35156	28009	32957	39411	26735	33248	31126	36545	31608	26641	37898	28187	44813
AT5G09510.1/AT5G09510.2	Ribosomal protein S19 family protein	4.91E-01	2.06	307	6	2	6h	8h	16288	11456	21058	15288	17195	11218	21802	35980	16816	11062	8462	16681	19319	5694	11501	12471	21398	12789	3790	21518	15104
AT3G61220.1/AT2G24190.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.91E-01	1.13	700	10	9	8h	0h	1527320	2008070	2247145	1976942	2083166	2155544	1937585	1844236	2012699	2026005	2035946	2070865	1989424	2259432	2154009	2090586	2056032	1769983	1874374	1997318	
AT3G24860.1	Homeodomain-like protein	4.91E-01	3.76	21	1	1	0h	10h	18823	38055	12930	34263	14515	19001	5524	6025	25375	10742	0	4680	17920	53648	5837	29804	38005	27630	0	32636	17208
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	4.94E-01	1.30	101	2	2	4h	4h	100717	123875	88480	98937	102552	104803	76425	76014	108975	108417	92238	104396	108236	100830	96009	95883	112358	118670	100881	93064	144718
AT6G18200.1	BGLU46 - beta glucosidase 46	4.94E-01	1.46	26	1	1	10h	0h	12796	5041	16566	29001	37645	28643	32357	4730	54444	34606	4882	4718	24219	41908	41826	77463	70051	4124	22100	15958	9474
AT4G21600.1	ALL, ATHAL2, ATML8, ATML9, M48 - acetone-cyanohydrin lyase	4.94E-01	1.13	438	6	6	4h	8h	3153918	3719082	3838912	3406685	3194826	3231567	3310927	3455859	3103716	3003444	3204431	2626308	3462396	3393497	3506597	3148207	3874978	3527470	3432224	3414468	3402126
AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	4.94E-01	1.51	564	11	1	0h	8h	46327	47079	63283	61124	67245	57988	76853	50443	75373	68659	55673	84405	58346	72916	10818	63635	84974	65719	61679	49949	46842
AT1G65190.2	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.94E-01	3.74	23	1	1	0h	10h	7761	11991	9815	2930	4138	6240	4209	849	3151	1695	11515	734	4922	1881	12300	966	3734	3209	20	3255	6426
AT1G77720.1/AT1G77720.2	WTB BETA - tryptophan synthase beta subunit PRES	4.95E-01	1.40	44	1	1	0h	8h	18891	13468	11403	19675	15902	14282	13667	19913	10498	12939	26664	20455	18783	22156	17952	19326	17974	22125	18083	19035	
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	4.95E-01	5.74	74	2	1	0h	6h	6095	0	8837	21901	35360	28373	12720	6369	7092	13283	7431	2885	14749	16389	29659	5137	9913	17723	0	6517	41821
AT2G19730.1/AT4G29410.1	Ribosomal L22e/60s family protein	4.95E-01	1.43	333	4	4	4h	8h	1126864	836403	1584385	1252607	1302069	1127812	1288460	1961818	1213318	1499327	1265168	1656486	1134668	849241	1200062	1424350	912447	1106410	1700380	818505	
AT5G19810.1/AT5G19810.2	Glycosyl hydrolase 9B15/9B19 family protein	4.96E-01	1.34	263	5	5	0h	6h	821243	771204	743156	533298	713751	806409	742519	780362	592210	774692	857378	1127329	672290	655638	1001139	834017	851063	757986	872439	721620	829602
AT5G42020.1/AT5G42020.2	BIP, BIP2 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	4.96E-01	1.74	768	11	1	0h	4h	80397	134371	124113	45936	80564	68568	90221	130784	47312	62130	109352	79197	84737	77618	76997	66677	91182	95923	85058	113121	72817
AT1G10360.1	Ribosomal L12e/60s family protein	4.96E-01	1.14	693	7	6	0h	2h	8966	11647	21203	30103	46991	31064	3009	21454	34570	21566	21844	4049	25474	4622	28469	38496	8446	12409	0	17540	24949
AT5G09810.1/AT2G42170.1	ACT7 - actin 7	4.97E-01	1.23	985	14	5	0h	24h	3062324	3939305	3885928	3734782	2693334	3661853	3768099	3809926	3680096	3217995	4567683	4499380	3934718	4521471	3559857	3729959	4140723	4004490	3534392	4456415	4403508
AT5G27460.1	GDH2 - glutamate dehydrogenase 2	4.97E-01	1.59	85	2	2	6h	0h	252973	142640	175139	139676	212539	149421	108516	124955	118900	132219	188617	188359	159274	153768	166680	154002	134260	153813	175670	0	186696
AT5G42790.1	PAF1, ATPSM30, AR55 - proteasome alpha subunit F1	4.98E-01	1.52	206	3	1	6h	8h	378269	430137	369094	314920	354236	365932	394864	256284	286552	296519	381758	519931	283500	326832	400118	279398	286473	339189	0	388175	400857
AT4G27510.1	ATFD3, FD3 - ferredoxin 3	4.99E-01	1.37	118	2	2	0h	10h	148006	150790	139907	111512	147815	118981	133171	101182	151296	121935	160891	96355	125609	79106	118376	111559	90012	119199	121943	145243	128477
AT4G27410.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	4.99E-01	1.18	833	13	12	0h	10h	3515410	4021801	3594732	3420479	3639647	3680589	3014266	3503190	3369656	3025842	3542359	4590914	2767090	3593495	3222437	3224792	3166141	4123663	3608252	3029563	
AT4G16390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	4.99E-01	1.96	69	1	1	0h	2h	24435	9253	31719	40392	25830	32074	25782	26388	26234	21406	31133	16825	18713	22777	14229	37205	18696	18439	2376	22738	25021
AT5G20980.1	ATMS3, MS3 - methionine synthase 3	5.00E-01	2.27	562	9	1	0h	6h	80207	114612	107027	74381	83830	71819	63336	93191	89134	28834	98255	6086	66356	63435	59909	42181	46661	112385	0	88711	66245
AT4G33580.2/AT4G33580.1	ATBCAS, BCAS - beta-cyanoalanine synthase 5	5.00E-01	1.71	151	3	3	0h	10h	130384	128581	121340	190585	211615	179982	155584	248073	232874	277157	277757	81838	130697	144556	136017	245006	353038	207651	90359	235824	167620
AT4G20120.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.00E-01	2.18	29	1	1	2h	0h	62990	32956	47613	36139	54808	66281	42710	35951	48768	46601	22549	3291	32817	60516	22665	38613	42645	44228	2028	58603	36968
AT4G66410.1/AT4G66410.2/AT2G27030.2	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	5.01E-01	1.18	830	10	3	0h	2h	5081129	4976900	3871997	3308241	4479557	4742470	4680108	3895742	4220389	4939359	4574576	4280024	4273511	3811241	4556964	4321848	4453026	4783258	5378926	4734497	4721463
AT2G30020.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	5.01E-01	1.34	38	1	1	0h	8h	81502	57589	67837	70662	64403	66136	81835	61766	97306	76616	104661	73088	71935	56593	60707	81041	74332	88282	66847	106631	74349
AT5G16970.1/AT2G23120.1/AT1G65560.1/ATS	AT-AER, AER - alkenal reductase	5.01E-01	1.56	832	12	5	24h	0h	1587788	1969165	1072441	941516	1290738	1446925	1526933	1036418	1285362	1449925	1152215	2430755	1067679	1321528	1713006	1135274	1259289	1230985	2703225	1303492	1656370
AT4G23250.1	SHM3, AtSHMT3 - serine hydroxymethyltransferase 3	5.01E-01	2.18	231	7	6	4h	0h	955788	979948	995520	841429	974401	979325	882483	881471	994176	1011097	987302	1099250	943653	901852	942121	817827	953122	1054945	1114418	974895	910875
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	5.02E-01	1.71	247	5	5	0h	8h	186020	196249	102705	195596	155704	160927	240927	241989	131201	273326	244388	132194	273225	154314	44116	202627	115609	103205	236496	161227	179444
AT4G25210.1/AT6G25210.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.02E-01	1.23	447	7	7	2h	6h	1053656	885290	1129105	834067	1069320	1183231	769966	791842	1095439	621380	991744	893453	878541	975126	1055990	715283	941936	987979	1037652	968605	1063628
AT4G48860.1/AT4G48860.2	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta	5.04E-01	1.20	555	9	2	0h	4h	274409	340760	282777	283348	364725	323990	363116	365173	345230	349471	362951	276719	342750	326765	346827	357132	341483	343624	393442	329027	287672
AT4G04090.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.04E-01	2.05	37	1	1	24h	1h	26446	33487	31301	24214	37379	47216	26575	22486	29763	15070	31258	82031	27546	29168	48050	28692	9455	26022	58709	30122	42857
AT3G54940.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	5.04E-01	1.20	278	6	6	0h	8h	1992935	2799752	2134435	2127953	2607603	2039159	1962465	2397723	2372398	2185969	2215522	2408729	2007821	1719735	1878877	2160090	2448219	1659999	1728210	2255683	1940275
AT3G52200.2/AT3G52200.1	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	5.04E-01	1.51	198	5	4	6h	8h	228318	294279	169653	219830	194475	190814	257405	160097	174918	213173	121701	296341	146689	200483	190032	152516	240697	149624	318818	277173	217545
AT2G04740.1/AT5G04740.2	ACT domain-containing protein	5.04E-01	1.46	214	3	3	0h	24h	213458	147022	156434	241508	152803	160738	154646	152359	160383	160546	173808	115305	147884	186921	133386	190154	164730	143426	184363	226220	178622
AT4G10050.1	asteroid family protein	5.04E-01	1.58	49	1	1	0h	24h	25725	20236	16084	19242	22605	24963	22473	11898	20938	22605	28886	20241	34315	17588	24620	25141	19707	17031	21363	42903	18787	25915
AT5G39210.1	CRR7 - chlororespiratory reduction 7	5.06E-01	1.21	83	1	1	0h	24h	114660	112160	112159	77852	135653	101200	126595	113562	114304	104567	120488	128900	113045	119224	109071	88902	122577	90007	96052	82311	115282
AT5G47210.1	CER2, VC2, VC-2 - HXXXD-type acyl-transferase family protein	5.07E-01	2.47	57	2	2	0h	2h	44887	64606	20583	29143	20230	25108	46449	15977	31209	53400	11011	43014	20139	16975	26463	39056	24943	20187	30632	16606	5401
AT4G00210.1	ATRPS13, RPS13A - ribosomal protein S13A	5.07E-01	1.52	230	5	5	0h	2h	214584	224720	116522	230726	248935	203819	259459	456034	272295	289910	174197	294959	411773	202549	246113	257820	230956	270164	195597	234165	180018
AT1G13440.1/AT1G13440.2/ATGDH2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	5.08E-01	1.09	1313	19	17	6h	0h	95337579	101232893	92537028	91328360	95912361	98632140	95969816	97087425	98199498	107505110	95449274	104744051	95860379	89108018	97309098	89122444	102707094	96897133	107532072	103280553	91878653
AT1G48630.1/AT1G48130.1	RACK1B, AT - receptor for activated C kinase 1B	5.08E-01	1.46	214	5	3	6h	8h	205363	283899	302656	190334	235739	235082	274429	265224	179481	265977	264792	261217	224749	158255	161187	200563	218759	179486	309610	262912	112795
AT1G07450.1	Ribosomal protein L6 family	5.08E-01	1.55	208	3	3	0h	10h	71633	51345	82159	57581	76939	55526	90874	101923	71601	85549	42457	126257	62621	46294	62955	37873	90122	43131	46210	73810	57058
AT4G49750.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	5.09E-01	4.52	50	1	1	0h	4h	959	5894	2733	0	6591	4458	3290	497	598	1481	4962	9465	4315	3479	12033	4661	5828	7092	10074	6169	3043
AT4G38970.1/AT4G38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	5.09E-01	1.27	2497	34	20	6h	0h	19823659	25379103	24196258	23864220	23656134	22930169	24251852	22746787	23839956	26762769	22906423	38212429	21276071	22652950	25107399	25391955	21303453	225515548	28185405	18184031	18637064
AT5G23820.1	SKD2 - vacuolar protein sorting 4 (VPS4) family protein	5.09E-01	1.41	133	2	2	6h	8h	2872352	1946884	4258695	2155186	3823401	2823113	3440853	3511584	3144927	5594537	7507353	2007688	2224414	1689486	2145503	1424906	2207727	1814439	1883873	1933413	
AT4G29840.1/AT1G72810.1	MTO2, T5 - Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein	5.09E-01	1.13	424	8	8	2h	0h	2490394	2607085	2279913	2769925	2821414	2787487	2395096	2526095	2465047	2992363	2592402	2197884	2470009	2472029	2507574	2526097	2997077	2407771	2708693	2305078	2508810
AT1G03120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	5.10E-01	1.94	150	4	1	2h	6h	393140	217663	278419	258922	294082	478981	234871	242695	270109	361750	262742	86149	223802	220336	314828	193083	359570	224237	75891	215484	241615
AT1G22940.1/AT1G22840.2	CYTC-1, AtCYTC-1 - cytochrome c 1	5.10E-01	1.50	149	3	3	2h	0h	158380	172826	139123	157545	132242	147219	114550	162411	89408	105935	155700	171176	183751	133018	139445	172236	125249	99689	151850	138742	
AT4G37360.1	ATKTI1, KTI1 - kunitz trypsin inhibitor 1	5.10E-01	3.08	22	1	1	0h	24h	11430	5119	11658	8455	11600	4917	12943	413	7579	25257	7945	8184	7474	5443	11519	15248	7133	5347	16477	7309	40601
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	5.10E-01	1.39	540	8	3	6h	0h	267805	231370	171964	290505	206325	236762	306915	282387	216792	387615	268927	277458	287751	205883	220423	210023	298665

AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	6.90E-01	1.09	1414	24	23	2h	10h	4890040	4813529	4808295	5032482	4977376	4572248	4870877	4705220	4525095	4925131	5000952	4649323	4818640	4608959	4263463	4691141	4668201	3975872	5491179	4200542	3809409
AT5G28050.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	6.90E-01	1.56	35	1	1	1h	10h	24h	285741	133224	297907	319500	294681	156224	263850	251228	232309	259744	337473	2456	327028	214387	139657	306171	252477	252196	10396	293624	214615
AT5G27380.1;AT5G40650.1	SDH2-1 - succinate dehydrogenase 2-1	6.91E-01	3.02	22	1	1	2h	10h	24h	2308	29281	21886	5249	12489	8970	12413	14888	16396	8633	23477	12821	7324	8046	23409	30154	14680	12859	9921	39850	31008
AT5G56740.1	HAG2, HAC7, HAG02, HAC07 - histone acetyltransferase of the GNAT family 2	6.91E-01	2.18	23	1	1	2h	10h	24h	328805	157563	230556	973754	341095	246667	238777	814859	401138	393648	463156	137677	334356	320075	234671	439019	233661	560194	268435	444631	284236
AT2G23010.1	SCPL9 - serine carboxypeptidase-like 9	6.92E-01	2.41	20	1	1	8h	2h	10h	10666	22417	11799	8536	7217	11246	8924	3230	17583	10636	12930	13942	14606	36799	13613	11053	4693	26704	4864	9266	30695
AT3G09010.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.92E-01	1.19	223	3	3	6h	0h	24h	551314	568781	534194	581843	622272	551941	536635	666751	622951	632565	759570	572642	695134	525484	539473	644827	678239	498807	614193	659701	598012
AT3G06350.1	EMB3004, MEE32 - dehydroquinate dehydratase, putative / shikimate dehydrogenase, putative	6.92E-01	1.22	165	4	4	10h	24h	177366	221505	221327	224103	237137	197361	228526	230771	211673	278913	229498	157072	230692	214199	188660	253541	245492	230018	182281	201390	215837
AT5G66570.1	PSBO-3, OEE3, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	6.92E-01	1.23	1288	23	9	0h	8h	37337909	35981511	38204647	32493009	29148515	35255028	30630846	30228846	35889887	28212825	23681507	43093913	26525270	33378466	31367571	29311048	28609609	37995115	37083258	29549262	38414377
AT5G48020.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.93E-01	1.25	85	2	2	10h	24h	120969	109698	105319	107940	111763	120905	115842	96345	101590	92290	118380	154656	93738	114056	114242	103400	92886	96214	140816	102490	113412
AT5G11520.1	ASP3, YLS4 - aspartate aminotransferase 3	6.93E-01	1.38	351	7	6	2h	8h	390154	331488	227858	280923	284215	267499	343018	243905	235963	333845	214003	232466	341194	312925	108817	262777	355999	268545	398163	339721	314413
AT4G02530.1	chloroplast thylakoid lumen protein	6.94E-01	1.14	277	5	5	0h	4h	3281171	2663912	2699602	2162126	2626763	2834922	2671194	2538677	2611852	2524779	2926859	2705856	3008380	2546523	2251931	2618124	3174995	2536455	2561955	2445987	2579668
AT1G07950.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	6.94E-01	1.23	424	8	7	24h	10h	1041943	1132310	918415	1067268	1124387	1072268	1112098	892418	1047643	1038178	1035648	1557569	987191	1105893	939944	1166199	872273	951345	1650248	912840	1118201
AT5G04360.1	ATPU1, ATLDA, PU1, LDA - limit dextrinase	6.94E-01	1.15	156	4	4	2h	0h	461053	485373	393813	373795	356518	430625	471672	374118	342466	450432	395797	456777	425168	359642	382933	422026	435085	338406	497190	370383	389145
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	6.94E-01	1.57	428	8	8	0h	4h	1362568	1155891	630060	1078562	912708	789435	1043872	942522	556703	1086733	1027055	776212	1324019	1081770	585440	622123	1173879	734310	836587	572355	593994
AT5G47110.1;AT1G23410.1;AT1G13340.1;AT5G	UBQE - ubiquitin 6	6.95E-01	1.26	277	6	6	0h	6h	1790345	1722116	2754526	2118593	2580603	1726080	1772498	3591249	2308830	2841722	2974821	2266553	2819368	2476536	1827540	2576236	2809200	2465251	2096950	3030211	2428481
AT1G36320.1	unknown protein	6.95E-01	4.98	29	1	1	24h	2h	1030	493	9214	1984	804	1021	372	3907	1660	78	5774	0	581	1161	3840	2649	2660	6535	0	5960	13009
AT2G43530.1	Scorpion toxin-like knottin superfamily protein	6.95E-01	4.98	41	1	1	24h	2h	19213	64509	10214	6225	6741	19217	12568	10676	23466	0	10878	115261	7797	13284	37698	9984	6584	17750	11387	10584	31319
AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	6.96E-01	1.25	332	5	5	2h	0h	832736	826290	1149378	680266	967526	789709	775388	1115758	875805	835617	879318	1143428	820212	841128	1114580	802174	861178	954984	1004385	994661	1042193
AT5G03315.1	NDPK2, NDPK3, NDPK1A, NDPK1A, NDPK1A, ATNDPK2 - nucleoside diphosphate kinase 2	6.96E-01	1.28	401	8	8	10h	24h	4754709	5777785	4550782	4204513	4198615	4397941	5141525	4463196	4795564	4596309	4590077	7423201	4147806	4494999	4872157	4617745	4397815	4458354	6916624	3986221	4132677
AT4G43560.1	Atv2, Tg2 - thioredoxin Y2	6.98E-01	1.32	52	1	1	6h	10h	200834	144941	201329	217184	227383	184545	203775	155691	234806	168723	223293	279577	222549	196009	148296	160023	187482	162608	226286	209225	154289
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	6.98E-01	1.14	2019	25	24	2h	10h	36602510	33400439	35293825	43726066	39584638	33540774	34474384	37986009	35114973	37824491	37772836	37144971	38329840	37362718	32692345	34980983	35671822	31702323	43007291	33974601	31888921
AT1G21060.1	unknown protein	6.99E-01	1.53	61	2	2	4h	0h	173796	305497	229153	242633	221687	204379	240909	210548	208199	234527	153610	427704	186118	275208	205796	169922	222508	221399	187800	154820	192115
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	7.00E-01	1.36	201	5	4	4h	0h	120638	292515	167129	255122	231542	151844	320952	227037	193138	184183	225026	272399	186689	184376	194297	170703	170546	202185	195455	223234	150251
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	7.00E-01	1.41	128	2	2	4h	0h	808902	508587	915745	783839	872882	1106214	1099873	589011	1455893	879338	897322	1028453	874939	591611	775183	859652	587287	1044744	856355	841138	582031
AT5G12950.1;AT5G12960.1	Putative glycosyl hydrolase of unknown function (DUF1680)	7.00E-01	1.71	108	2	2	6h	4h	36557	30544	30757	17737	29219	34346	34088	23527	33263	24117	26235	75815	33065	28033	41396	28373	37091	31957	32064	19983	27645
AT2G32810.1	BGAL9 - beta galactosidase 9	7.01E-01	1.37	21	1	1	6h	1h	14878	10018	11904	15761	10338	14411	10139	14193	14897	8861	16612	4193	14158	15063	11004	11596	7623	12803	2016	10808	16870
AT3G48720.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	7.01E-01	2.19	42	1	1	24h	2h	95424	80876	70373	86509	44288	99847	108877	126927	61741	142493	161735	12836	115801	153326	88691	104315	106947	82008	18721	87047	57887
AT5G07440.1;AT4G25840.1	GS1, GPF2 - Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	7.02E-01	1.23	126	3	3	8h	4h	182931	205441	146061	180815	187719	174628	202245	158092	171887	228100	171790	114421	188967	194654	159139	209805	209290	172040	168811	130743
AT2G42540.1	COR15A, COR15 - cold-regulated 15a	7.04E-01	1.48	146	3	3	6h	1h	7665528	10100075	10704480	8161812	12660222	11133093	9135466	12442540	10478846	9230387	14575514	4668812	13329907	10852874	8729377	8276236	8765475	7534	9409	10740	8724
AT3G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	7.07E-01	1.15	191	4	4	0h	4h	1049410	1007537	930575	1211802	1181526	1032777	1036698	1103032	900095	1042964	1126965	923689	1124460	1137070	902285	1014920	1106835	917847	1175840	977382	991494
AT5G10160.1	Thioesterase superfamily protein	7.07E-01	2.15	189	4	2	6h	10h	380432	456238	398050	339791	367966	399859	316170	387350	380368	260147	391093	1467751	344256	223154	427020	323085	302585	358647	403510	343947	372815
AT3G54900.1	COP1_ARABIDOPSIS - Coatomer subunit gamma protein 1	7.07E-01	1.46	78	1	1	2h	0h	52101	35868	47987	51375	90775	55979	52744	35118	57208	34614	88704	18971	47516	66343	37853	50494	86441	38832	64369	61683	67341
AT3G11510.1;AT2G36160.1;ATIG52580.1	Ribosomal protein S11 family protein	7.08E-01	1.34	297	6	6	4h	0h	2353847	2080260	2900610	2568983	2504405	1902366	2631076	3895681	2484838	3762175	2288881	2356477	2269503	2112507	2726690	2230469	2942485	1528563	1808293	3344927	1607768
AT1G49650.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.09E-01	1.74	59	2	1	10h	24h	6979	5341	12757	13330	12365	5856	8826	14246	13254	9836	10374	2518	10037	18898	2777	12827	14612	10570	2466	11277	8154
AT4G39180.1	SEC14, ATSFH2 - phosphatidylinositol transfer protein 2	7.10E-01	7.37	25	1	1	10h	24h	24745	6322	26159	28373	2856	3904	6245	15813	2369	2356	23400	4208	2210	621	9949	1836	3659	2271	1327	12014	16214
AT3G09820.1;AT3G09820.2	ADK1, ATADK1 - adenosine kinase 1	7.11E-01	1.26	1172	20	9	0h	10h	6388174	6849334	5276035	5652677	5965714	5269186	6572978	5334590	5344725	6881900	5383039	8347046	5769859	6627400	5609424	5808217	5363673	5239813	7706340	5671605	4540773
AT4G39820.1	ATMTK, MTK - 5-methyl-5-thioribose kinase	7.11E-01	1.35	57	2	1	4h	24h	18107	14538	13153	10296	15478	17964	14805	15192	9096	26920	15524	241	21550	18240	12260	9880	14728	16466	18769	17284	16880
AT4G33420.1	Peroxidase superfamily protein	7.11E-01	1.87	34	1	1	8h	6h	10290	0	25245	17336	12365	6758	14157	8764	17574	5021	19795	0	17930	21061	7252	13482	8518	4658	0	9469	17040
AT3G05530.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	7.12E-01	1.42	153	3	3	0h	10h	133061	204943	158684	221912	259752	184834	173093	261886	181541	201160	308750	159257	274790	225498	156381	200882	277799	228389	138914	256872	218286
AT2G25280.1	unknown protein	7.12E-01	1.86	45	1	1	2h	0h	3044	5378	2706	2373	1832	1774	5577	2086	3344	2458	216	6117	1785	3398	3541	2831	2890	3247	3364	2632	4163
AT5G10680.1	unknown protein	7.12E-01	1.74	89	2	2	6h	0h	52902	18111	44107	32139	42517	40543	51437	44197	32109	60207	38262	27646	34969	31992	32861	24235	35488	40146	37929	48464	56552
AT4G48030.1;AT3G17240.2	mtLPD1 - mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1	7.12E-01	1.20	1459	21	10	6h	0h	10135037	10061009	8802535	10757984	9020658	9518903	9624616	9130990	9482141	11424575	8805710	11400192	10383014	10133882	8959512	8334598	10221049	7739701	11501240	7765984	9612733
AT5G23440.1	FTRA1 - ferredoxin/thioredoxin reductase subunit A (variable subunit) 1	7.13E-01	1.14	39	1	1	2h	0h	263272	288568	223875	287896	223936	272428	245089	239538	230483	244651	228216	252071	225300	246098	292101	240462	245739	204971	271899	185118	230704
AT4G16210.1	ECH5A, E-COAH5 2 - enoyl-CoA hydratase/isomerase A	7.13E-01	1.62	24	1	1	8h	6h	14972	24851	19780	15543	11584	25060	24764	13019	11542	10523	15603	42879	16376	14082	17503	18440	17515	25362	28789	27133	21627
AT5G45170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	7.14E-01	1.64	108	2	2	4h	0h	148298	115909	88133	75849	130015	140387	94396	80247	115449	63372	60805	184010	92335	93239	115876	73496	88386	74991	200740	96785	99797
AT1G72610.1	GLP1, ATGER1, GER1 - germin-like protein 1	7.14E-01	4.79	38	1	1	2h	0h	26517	20204	0	3619	7515	2598	14955	0	5759	40012	8730	17011	20039	1154	19956	8941	24156	31165	0	14339	6132
AT4G02290.1	AtGH9B13, GH9B13 - glycosyl hydrolase 9B13	7.15E-01	1.66	21	1	1	8h	6h	16804	97851	39603	75511	29894	63904	46108	39005	52480	42125	99401	76803	34565	26554	70283	87277	47425	57963	69158	72527	43963
AT5G62940.1	Cysteine synthase/L-cysteine desulfhydrase protein	7.15E-01	1.66	33	1	1	6h	0h	42728	21484	28776	28354	53343	12837	42260	39714	39784	11428	30886	39163	31630	46107	27316	21563	45780	41886	24165	35652	47944
AT2G29360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.15E-01	2.25	95	2	1	0h	4h	5807	12694	11093	10099	2284	12874	4013	3748	5609	6760	7273	5366	7850	4041	7783	10805	4780	9951	7534	9499	2180
AT4G34050.1;AT4G34050.2	CCoAOMT1 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	7.16E-01	1.33	366	8	8	6h	0h	2822691	3213697	2870780	2801966	3263915	3210955	3577590	3297303	2884629	3383335	3277603	5182561	3321690	3403459	3148427	3829861	3759773	2969234	5490317	2937782	2649237
AT5G09430.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.17E-01	2.10	23	1	1	6h	0h	13552	5754	15282	17680	21443	11262	8272	12996	12328	50165	4	34288	32535	2283	16134	28638	22220	0	13383	2272	21234
AT4G30920.1	Cytosol aminopeptidase family protein	7.17E-01	1.16	925	15	4	6h	2h	1141550	1124944	872084	835137	902743	1013344	1026121	858641	943917	1052913	938527	1205000	920465	973890	1137701	908358	907666	1187069	1090626	958869	1013602
AT3G01910.1;AT3G01910.2	SOX, AT-SO, AtSO - sulfite oxidase	7.18E-01	1.14	165	4	4	10h	24h	882197	946173	837167	854583	795090	894850	859726	864595	815977	861840	750093	1068662	823905	1036166	920542	786169	798443	856046	840315	748612	914586
AT5G24710.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	7.18E-01	1.86	21	1	1	10h	24h	146366	168813	68872	74621	60172	127276	112004	42679	72518	115309	51053	158506	52735	49793	118800	69002	75293	61631	139563	63710	80136
AT5G57870.1	eIF iso401 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	7.18E-01	1.54	198	3	2	24h	4h	114536	79270	74176	93737	90402	107993	91040	77013	99509	37639	80783	151569	79876	82420	72887	78275	53329	104770	166706	111412	84616
AT3G62910.1	APG3 - Peptide chain release factor 1	7.19E-01	1.48	29	1	1	10h	24h	47854	41105	63969	67611	45144	62910	51764	70806	56175	57578	76554	10210	57289	57485	62531	78330	47637	67598	18886	60877	50648
AT4G37920.1;AT2G43800.1	ATCNS1, ATMTE5, ATCNS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	7.19E-01	1.27	3650	50	21	2h	6h	56024035	60689417	53196934	51647597	53129634	51364759	47660987	51072935	50408827	51072935	48896169	61434171	49270295	82181723	57231972	59209580	50741388	51647584	51799339	60955712	51043484
AT3G49950.1	GRAS family transcription factor	7.19E-01	2.23	28	1	1	4h	8h	313169	390312	259234	268009	224435	267507	319519	249529	226399	279780	220803	1165916	235312	232429	290991	222512	354769	278364	117676	289061	222822
AT4G13410.1	Rubisco methyltransferase family protein	7.20E-01	1.30	167	3	3	0h	2h	89765	42754	97996	100850	110652	88647	62497	76782	96717	63106	101566	74505	66413	87966	101132	113159	92159	74476	83615	98829	82092
AT4G34850.1	ATARD4, ARD4 - RmlC-like cupins superfamily protein	7.20E-01	3.32	34	1	1	6h	0h	26240	24755	24772	26261	18123	8380	25697	10117	25314	74859	8620	24652	13335	7837	41428	23955	41418	3419	5553	22988	3991
AT4G37980.1;AT4G37980.2	ELI3-1, ELI3, ATCAD7, CAD7 - elicitor-activated gene 3-1	7.21E-01	1.50	754	10	8	6h	0h	3378395	3402511	3510797	2852276	2922061	4087777	3123978	3171141	3918552	3425151	2593199	6558337	3729455	3094600	3642603	4782876	2885884	3143235	3545399	4208007	3685791
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	7.21E-01	1.44	551	9	9	2h	24h	3917702	3721315	3080341	2875525	2899801	3749698	3962726	2254474	3374043	2936961	2815322	7171826	2927068	4179282	5381170	3325842	2840230	3870664	6376839	3642945	3726333
AT3G25545.1	unknown protein	7.21E-01	1.35	44	1	1	10h	24h	51101	32331	50356	48010	39724	42258	39843	43454	55234	58697	42849	37773	33108	53977	35471	61839	45901	57433	63248	39332	40579
AT2G37670.1;AT2G01520.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	7.21E-01	1.34	753	15	15	0h	10h	14382049	16196687	15500982	11767132	12567307	12705755	14246698	11292106	16888162	14786211	11051352	19732246	12326280	11818241	11927548	10694988	12214150	11622318	10075361	10025465	10422268
AT1G74990.1	RING/U-box superfamily protein	7.22E-01	1.56	26	1	1	10h	24h	31616	40049	23355	29607	21165	29912	30670	22874	24306	31943	22076	62472	19901	27958	28738	30462	22755	21691	60709	22377	28163
AT4G33760.1	tRNA synthetase class II (D, K and N) family protein	7.23E-01	1.29	641	6	5	0h	4h	476629	508417	391062	403722	385981	447266	451686	436145	319528	413344	488899	332194	454082	353168	361341	384510	517598	312402	291908	378944	393087
AT5G16840.1	ACX4, ATACX4 - acyl-CoA oxidase 4	7.24E-01	1.28	124	2	2	4h	0h	480563	423818	412486	418152	409871	391864	276762	408203	455662	359467	280314	410003	312207	401756	386573	529552	419251	303758	540727	569300	
AT4G22730.1	copper ion binding	7.24E-01	1.26	48	1	1	6h	0h	11410	9898	11295	9242	8513	11510	11324	10152	12517	8885	10270	12940	13342	8978	5974	7659	11654	7577	12878	10170	8933
AT3G14000.1	VIK - VH1-interacting kinase	7.25E-01	1.66	25	1	1	8h	6h	9223	4249	8781	12058	9518	11604	6649	8904	8072	6806	12308	1273	10837	12046	10971	7252	9041	1371	11582	14460	
AT2G01050.1	PPDB - PSII downstream subunit beta	7.26E-01	1.47	22	1	1	6h	0h	219285	171901	133360	187517	158936	176202	170230	159297	134693	156967	101044	107499	102303	244388	160840	182387	127798	115055	158240	178156	155105
AT4G11380.1;AT4G23460.1	Adaptin family protein	7.26E-01	1.30	70	2	2	4h	0h	119739	103668	102020	139732	119274	78032	93620	103509	86226	83751	140518	101294	106176	123778	107105	120297	102639	114335	124056	138056	105015
AT1G22630.1	unknown protein	7.26E-01	1.35	1250	18	14	0h	2h	13250	37894	34496	28985	31976	7461	17279	42055	5831	1559	14660	24830	30147	14638	24188	17812	11186	28516	21015	7744	16762
AT2G47730.1	ATGSTF8, F28O1.25, GSTF8, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	7.28E-01	1.28	499	7	6	4h	0h	7561124	8120582	6525676	6825370	5725457	6871249	7155585	5765906	6425098	7133513	6791060	9057935	6971338	6102382	6054403	6504480	7985448	6244643	7955530	5834771	5321259
AT3G27160.1	GH51 - Ribosomal protein S21 family protein	7.28E-01	2.43	44	1	1	6h	0h	312775	150352	133558	106799	124529	131209	90952	82161	87413	130779	44515	91909	76704	49966	119029	113721	159355	140268	305772	139203	7345
AT3G24495.1	MSH7, MSH6-2, ATMSH7 - MUTS homolog 7	7.29E-01	3.41	45	2	1	2h	0h	3431	6230	7650	42031	11528	5504	6264	21275	6104	14067	5400	4926	7665	4888	5430	19686	17548	277	11091	6246	
AT5G10540.1	Zinc-ribbon 6 family protein	7.29E-01	1.28	730	16	16	6h	0h	162801	200687	97943	157976	141595	191864	276762	408203	455662	359467	280314	410003	312207	401756	386573	529552	419251	303758	540727	569300	
AT4G04870.2;AT1G04870.1	PRMT10, ATPRMT10 - protein arginine methyltransferase 10	7.29E-01	1.57	22	1	1	10h	0h	17585	9504	8889	16656	15364	15780	13586	15330	22452	18110	15879	3909	18820	14634	15591	16203	19755	20578	1419	19713	19811
AT4G34590.1	ATEXL4, EXPL1, ATEXPL1, ATHEXP BETA 2.1, EXLA1 - expansin-like A1	7.30E-01	1.43	46	1	1	6h	0h	72531	71403	37664	54183	56955	73229	87669	38186	71324	65132	49256	82920	35372	48199	54179	41215	51897	54348	35027	67278	63000
AT3G53870.1	Ribosomal protein S3 family protein	7.30E-01	1.56	424	7	7	0h	4h	62830	70061	97698	112095	79644	75811	94459	159190	105110	171578	114335	991	87645	70899	100976	118965	140380	92509	69236	128051	53440
AT1G51690.1	AVP1, AVP1A1, AVP-3, AVHP1;1 - inorganic H pyrophosphatase family protein	7.30E-01	1.99	24	1	1	8h	6h	24909	26537	19534	21809	42320	17231	17285	35431	45455	42065	21307	7103	26835	13227	9187	21549	31401	25100	6482	42518	24740
AT4G26610.1	C2H2-like zinc finger protein	7.31E-01	1.69	22	1	1	4h	0h	98826	84092	103138	76071	80653	88092	66218	68736	81657	85061	133937	53466	148928	43108	72996	91252	86311	75630	119899	73089	173131
AT3G44110.1;AT3G44110.2;ATS G22060.1	ATI3, ATJ - DNAJ homologue 3	7.31E-01	2.27	96	2	2	6h	0h	17616	16652	10578	13351	21030	25475	26273	22662	22513	12700	16513	3263	23274	19265	25105	15846	11642	20863	1658	37968	34137
AT2G24251.1	unknown protein	7.31E-01	1.50	28	1	1	10h	24h	143173	134522	72627	112195	119233	118068	118611	84881	96877	124182	99762	226008	88402	139468	131231	136687	79600	98752	163549	93897	117007
AT4G00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	7.31E-01	1.35	1203	19	16	24h	8h	30029488	32488330	54938553	34903494	49878588	49302977	34236919	34138788	66104871	34552854	39744113	42644067	26863277	31799552	54500987	52173931	36361711	45579565	44384673	54559990	54065504
AT4G14100.1	transferases, transferring glycosyl groups	7.31E-01	2.12	32	1	1	6h	0h	7003	59304	22272	28640	14893	10415	7617	30739	34552	29532	38775	16998	26730	23879	45978	42042	29793	42737	14477	45167	14293
AT1G21390.1	PGM3 - Phosphoglucosamine/phosphoacetylglucosamine family protein	7.32E-01	1.23	1061	20	10	6h	0h	1722751	1656303	1332866	1817164	1480769	1537454	1859659	1558383	1780961	1480695	1748535	1748630	1692218	1951957	1167133	1946076	1661889	1283411	1835303	1712482	1451136
AT4G24830.1;AT4G24830.2	arginosuccinate synthase family	7.32E-01	2.14	622	13	13	24h	2h	2141013	2335470	2014621	2198097	2120919	1997393	1961136	2

AT4G29350.1	PFN2, PRO2, PIP2 - profilin 2	8.37E-01	1.15	314	4	4	6h	4h	3490033	3883855	2994203	2873566	3030460	3402604	3209700	2713854	3339239	3837280	3356730	3495630	3152790	2988752	3999737	3542876	3925306	2613630	4150829	3119044	3073726
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase	8.40E-01	1.22	1143	20	10	24h	10h	4876959	4113452	3795868	4327237	4725070	4214271	4740514	4306152	4148289	4154030	3888609	6361977	4107374	4223181	4632013	4392911	3788205	3708795	6436517	4003750	4124119
AT1G52730.1,AT1G15470.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	8.41E-01	1.46	40	1	1	6h	4h	68257	45181	51861	71256	74694	49305	71967	75464	77195	73997	26596	55202	74547	103226	19979	61845	77179	63346	55064	73511	57256
AT1G64370.1	unknown protein; Has 773 Blast hits to 375 proteins in 118 species: Archae - 0; Bacteria - 97; Metazoa - 421; F	8.41E-01	1.83	23	1	1	6h	0h	109357	87050	63623	91932	95907	131287	163489	79580	89727	116401	83604	276233	81284	185314	190467	173888	44488	101066	232671	86423	65742
AT4G36800.1	RC61 - RUB1 conjugating enzyme 1	8.41E-01	1.96	26	1	1	24h	0h	45878	16654	14364	24324	41236	93368	35992	29496	27268	20896	32927	76753	19459	48794	55345	36983	11315	15187	100391	29867	20431
AT3G14415.3,AT4G14415.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	8.41E-01	1.15	2236	28	8	6h	4h	22802969	26546518	23312500	21671743	21923046	25467077	21621921	20991558	21614591	22160800	20996742	30434848	21100674	21393419	23925915	20356467	24818660	22106933	27392119	20037394	20342848
AT1G80480.1,AT1G17530.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	8.42E-01	1.46	135	3	3	2h	0h	270130	155197	450318	469539	479175	255583	230136	407485	409817	298192	490161	215355	310437	322696	190191	355064	277226	310747	273931	418544	326084
AT1G55860.1,AT1G70320.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	8.42E-01	1.70	77	3	2	2h	0h	15508	7716	45504	21177	34433	25441	21260	18873	22883	19714	28642	3176	19828	6389	21504	7450	34630	12461	18820	19370	16492
AT5G49380.1	Ribosomal protein S14p/S29e family protein	8.42E-01	1.69	89	2	2	24h	6h	67712	34526	92296	46635	103702	73784	48378	131114	52435	104965	111467	35798	84286	59106	27340	40419	70406	52085	17587	81310	50505
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	8.43E-01	1.47	123	3	2	2h	0h	74778	109404	196573	217517	195579	144726	144346	217784	152686	108074	146629	268887	164573	249482	68151	164980	148230	144624	151591	159562	149265
AT4G17040.1	CLP8 - CLP protease 8 subunit 4	8.44E-01	1.24	199	3	3	6h	0h	1062012	1583489	1012702	1167841	1131981	944605	1090497	1073720	1186719	934804	907319	1125150	1017256	1083957	844929	1568878	944666	844034			
AT5G12110.2	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	8.46E-01	1.37	135	3	3	6h	6h	37145	24375	42977	26960	33767	43305	52053	44603	52502	34021	29520	32093	38163	33186	46242	42295	32854	32217	47107	31332	52211
AT2G44750.1	TPK2 - thiamin pyrophosphokinase 2	8.46E-01	1.31	20	1	1	10h	8h	21223	13272	21207	20900	19017	20695	14905	21239	21861	30130	24014	1700	18932	30008	5577	26614	20376	24367	17463	21735	25857
AT5G35590.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	8.47E-01	1.27	420	8	1	2h	0h	155715	111016	168514	152104	196197	135217	141126	145586	162365	145035	139767	40973	180264	141740	129587	126756	150735	162182	101088	163195	170243
AT1G65037	UCH2 - Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2	8.47E-01	1.39	36	1	1	10h	8h	21061	11784	25920	34726	23848	16160	20330	23913	14760	21021	33614	9284	9877	33168	12652	22195	28049	27722	17741	26077	19947
AT5G48460.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	8.49E-01	1.36	46	2	1	6h	4h	15901	17185	32778	27723	11479	15618	28349	23234	12906	21975	25344	1261	16081	25561	17863	10541	19108	18779	35727	7248	18749
AT2G22250.2	ATAAT, AAT, MEE17 - aspartate aminotransferase	8.49E-01	1.44	134	3	2	6h	4h	109230	151136	149360	101970	131883	135438	109346	91523	158926	111866	122839	116293	115928	108654	117825	60307	122149	124910	124939	70224	133228
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	8.50E-01	1.11	437	8	7	2h	0h	2320834	2413723	3003265	2646786	2866264	2389831	2623688	2483052	2420985	2515320	2689133	2287211	2227300	2389429	2509602	2582782	2914989	2362085	2270945	2587491	2671034
AT5G23250.1	ATCOAE1-CoA ligase, alpha subunit	8.50E-01	1.24	300	6	1	6h	0h	141138	131663	86329	120212	134017	79372	100009	137213	115744	118233	137118	111412	99910	98246	134197	102906	103540	88899	127220	94472	109579
AT5G14200.1,AT5G14200.2,AT5G14200.3	ATIMD1, IMD1 - isopropylmalate dehydratase 1	8.52E-01	1.14	672	12	4	2h	0h	876304	863779	884372	712906	763724	893609	693063	753707	857310	743768	947527	737953	907928	752755	701706	960889	817985	741697	637189	712790	963936
AT3G12040.1,AT5G12040.2	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase family protein	8.52E-01	1.71	207	4	4	3h	0h	1820164	3445299	1441561	1174844	2108242	787651	1799110	1679673	1511691	2453269	1596566	435216	2482641	722867	2675125	1436706	1351365	1631883	459618	1977349	1483176
AT1G16850.1	Pectin lyase-like superfamily protein	8.54E-01	1.22	30	1	1	6h	0h	12703	119206	93501	110942	114147	110108	103794	90423	110597	85267	113965	129597	119439	72232	121881	103823	81444	93308	91308	93008	132524
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl	8.54E-01	1.36	89	3	3	6h	0h	174327	245629	272876	234980	181244	285442	218048	224981	232234	208502	192923	387587	201768	234494	233906	191831	213847	172739	230281	190221	279060
AT5G45280.1	Pectinacetylesterase family protein	8.54E-01	1.22	426	7	3	6h	0h	323547	375377	210853	262756	301836	261509	295461	270273	246459	268575	288890	403622	250309	321113	317997	302844	244769	295649	310420	238167	238966
AT1G06680.2	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	8.55E-01	1.13	1452	16	7	2h	0h	94098330	93671560	90164132	76747564	80234698	83708888	83686624	77953466	91608763	76016304	83776516	96440582	73110150	75709963	97022842	76306259	88157378	91342160	88412572	76126090	94006042
AT4G01600.1	ATGPX6, PHGPX, LSC803, GPX6 - glutathione peroxidase 6	8.56E-01	1.44	134	2	2	24h	10h	393603	433704	502732	365803	620055	661437	600265	314124	706696	304045	608277	913631	577327	553582	483457	346109	442695	533161	796425	677735	428298
AT3G13120.1,AT5G13120.2	ATCYP20-2, CYP20-2 - cyclophilin 20-2	8.57E-01	1.24	343	4	4	6h	4h	1863242	2283163	1184227	1598539	1548478	1806630	1547269	1177850	1673271	1394176	1669927	2394271	1520364	1232971	1817664	1587349	1458592	1099403	1987367	1703348	1646363
AT2G18020.1,AT5G11905.3,AT4G36130.1	EMB2290 - Ribosomal protein L2 family	8.57E-01	1.59	172	3	3	4h	0h	640391	403364	1162793	642442	889189	527906	803267	1546822	747968	1219130	976868	527009	676384	613357	805676	576105	871081	503652	938322	1159683	686698
AT3G04550.1	unknown protein	8.59E-01	1.15	202	4	4	10h	2h	702844	700834	680536	775991	853585	627332	777705	700013	664187	836504	743594	795267	756904	770008	767525	775670	1006626	611258	927223	663465	492042
AT4G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	8.59E-01	1.15	610	8	8	24h	6h	4326301	4905629	4503650	3980550	4652965	4909212	3720486	4300052	5135435	3964700	4135154	5180454	3587242	4057920	4766522	3807341	4490326	4506896	4037462	4952807	5313899
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	8.59E-01	1.29	60	1	1	6h	0h	606388	318604	277780	487426	444852	435357	522265	450178	457799	389498	492014	671183	442577	486808	542746	437606	238028	435644	714796	416384	377624
AT2G03440.1	NRP1, ATNRP1 - nodulin-related protein 1	8.59E-01	1.35	230	3	3	24h	6h	891501	885211	1384812	1046686	1338675	1030946	911617	1156149	1272131	1449917	1001074	1673514	1008858	942885	969459	819706	1309469	1190810	1072036	1416344	1096424
AT3G66490.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	8.60E-01	1.51	24	1	1	4h	0h	21018	22980	29462	20098	29330	24026	28980	40701	40382	36363	47989	2508	40260	13036	19818	28569	39908	28325	13383	20112	42397
AT3G27300.1	GDPD5 - glycerol-3-phosphate dehydrogenase 5	8.62E-01	1.27	118	3	2	24h	4h	90151	87590	87179	87713	85659	56835	85267	70145	98386	89073	57552	96413	78216	71282	76500	69901	106259	76302	117599	107518	61366
AT4G04040.1	MEE51 - Photosynthetic reaction center protein family	8.64E-01	1.14	289	7	6	2h	0h	811631	801719	780785	872664	812574	857431	965661	665605	756867	819847	649723	820264	800323	890531	760593	887165	766707	663107	903825	712459	609613
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	8.66E-01	1.24	172	4	3	10h	0h	256697	228564	122775	299703	241833	215112	177150	303408	167953	259915	181919	316529	250884	254909	220518	232531	344059	194548	286401	296361	170820
AT3G04480.1	endoribonuclease	8.66E-01	1.54	41	1	1	24h	0h	28411	24996	15152	28088	24380	29316	37753	11943	24067	28152	20117	53829	18559	30443	28021	35061	20980	22371	58534	22930	21919
AT1G54010.1	ATP-dependent Clp protease La (LON) domain protein	8.67E-01	1.25	65	1	1	2h	0h	36508	70845	75666	73909	65345	54743	62125	57694	68823	54186	56928	59750	51368	59541	48045	69679	59408	55178	64108	35754	
AT2G05920.1	Subtilase family protein	8.67E-01	1.30	96	2	2	4h	0h	50201	49386	54941	51453	43052	59495	41000	54504	44919	36920	52517	92713	57350	60055	65523	59279	49205	54250	66489	55836	32294
AT2G31670.1	Stress response alpha-beta barrel domain protein	8.67E-01	1.17	417	9	8	6h	0h	2175297	1765195	2030704	2091602	2283693	1935182	1744723	2092725	1908722	1723221	1871309	2939446	1938489	1773936	1888003	2008893	1983987	1810970	1917007	2065711	1894184
AT4G37610.1	AO55 - aldehyde oxidase 55	8.68E-01	1.07	625	11	9	2h	0h	2946254	3281000	3527878	3343193	2988226	3192038	3169432	2925779	3204257	2741293	2975828	3374619	3052095	2781438	3085322	3102729	2860585	3484742	2954466	3081042	
AT3G02870.1,AT3G02870.3	VTC4 - Inositol monophosphatase family protein	8.69E-01	1.22	225	2	2	4h	0h	492803	501397	440532	525080	350733	422308	475753	454433	304996	565419	320304	622951	485187	457942	456784	476504	429736	330490	627592	439326	394847
AT2G39460.1	ATRPL23A, RPL23AA - RPL23A-like protein 2	8.70E-01	1.26	123	2	2	4h	0h	319278	298653	416996	311225	391937	346006	324445	454250	353248	422102	297674	283326	300472	317638	357643	264932	386479	300482	131643	428462	344403
AT1G21680.1	DPP6 N-terminal alpha/beta hydrolase family protein	8.70E-01	1.22	236	6	6	4h	0h	276249	276272	239339	297046	240164	238343	281558	322984	251961	308762	217442	181292	244724	315328	278994	213335	307587	172206	302151	248505	304161
AT5G35790.1,ATG42480.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	8.70E-01	1.48	253	5	4	2h	0h	186465	253351	104855	235289	231494	207897	285769	169686	189203	173064	176001	456355	160887	189733	195251	224128	196353	167088	378156	170563	173128
AT2G31750.1	UGT74D1 - UDP-glucosyl transferase 74D1	8.71E-01	1.15	66	2	2	2h	0h	48978	43832	25628	37690	37384	35333	49287	40230	45007	41396	45331	48507	44457	40180	44286	49472	38479	34815			
AT4G01310.1	UUT1, CDH1-1 - plastidic glucose transporter 1	8.71E-01	1.71	46	2	2	24h	6h	59115	41394	29126	37288	41558	44059	40952	42641	31499	37152	31589	24717	40645	35190	52549	38547	49231	32821	41638	48060	45222
AT2G05840.1,AT2G05840.2	PAA2 - 20S proteasome subunit PAA2	8.72E-01	1.19	497	10	3	6h	0h	322781	273919	293255	302664	340525	271604	289431	307785	291974	337624	259623	258357	300203	306448	329633	330616	347898	341091	174053	381542	334500
AT3G23460.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.74E-01	2.66	48	2	1	6h	0h	22948	14306	8991	11733	24951	32041	41493	18786	11408	13569	13654	95880	17311	35066	40173	47882	15575	4102	79702	13910	21060
AT4G21940.1	ATPS1 - Peptidase S8 and S53 subtilisin kexin sedolisin protein 15	8.74E-01	1.45	26	1	1	6h	0h	15543	11835	6912	11545	6901	9114	9832	17408	9173	11280	6551	7909	17469	5521	8669	10765	10548	7500	2179	13866	11095
AT3G24030.1	hydroxyethylthiazole kinase family protein	8.75E-01	1.40	27	1	1	6h	0h	30976	44252	47530	46824	48964	46320	49545	54426	67898	58443	41228	55180	57815	72565	22139	41888	38566	60949	46315	41128	64157
AT3G04600.2,AT3G04600.1	Nucleotidyltyl transferase superfamily protein	8.76E-01	1.47	71	1	1	4h	0h	29347	44921	19441	46342	43845	40988	25283	57744	48258	40057	55651	51852	29990	59486	48090	27220	51480	21338	72145	25066	21584
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.76E-01	1.11	700	10	10	6h	0h	5124412	5343439	4465596	4733863	4911039	4859631	5080011	4733553	4903331	5005086	5036851	6071683	4744845	4414474	5345152	4999699	4868829	5310951	6005053	4807910	4108023
AT2G45580.1	FAD-dependent oxidase family protein	8.77E-01	1.50	131	2	2	6h	0h	61047	67690	72101	85596	94876	80175	76499	110036	58370	102119	58365	56499	118330	87370	71951	85042	47206	72724	66168	86026	74837
AT5G18100.1,ATG18100.2	CSD3 - copper/zinc superoxide dismutase 3	8.77E-01	1.38	88	3	3	6h	0h	319580	329365	307238	367786	303316	334320	273745	357844	286010	308888	276659	660291	314807	263069	344497	281907	354468	265881	641956	306610	254283
AT5G52970.1	thylakoid lumen 15.0 kDa protein	8.77E-01	1.44	110	3	3	6h	0h	444126	307226	406704	294924	449101	430435	384346	368035	431177	375055	334745	405230	465437	442728	465742	509675	470390	282537	910925	355910	338213
AT5G25350.1	EBF2 - EIN3-binding F box protein 2	8.78E-01	15.84	27	1	1	6h	0h	2223	45197	1999	5276	0	16762	7934	2938	6473	0	6176	122427	9161	0	4673	2484	0	6054	135252	0	0
AT1G05750.1	PDE247, CLB19 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.78E-01	1.56	33	1	1	6h	0h	35925	89844	51688	75449	141033	33385	89111	49619	96703	61081	119539	69696	82535	57143	43976	100326	73453	101689	87784	59593	
AT1G80360.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	8.78E-01	1.47	208	2	2	8h	6h	100341	130928	25360	71473	58165	93867	82994	95224	57880	87417	89890	78202	86707	98988	77596	77264	114980	58137	28003	103549	47601
AT4G31180.1	Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	8.79E-01	1.11	277	6	6	6h	0h	278599	245302	291332	259782	282352	288805	270104	231086	278179	255724	292795	221629	286162	307496	264600	255508	289499	287175	227865	269383	332131
AT3G48930.1,AT4G30800.1	EMB1080 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	8.79E-01	1.41	90	3	3	4h	0h	403644	265868	625905	458528	497370	461897	405310	843225	393045	752720	593777	224417	498216	376983	560088	490422	600774	376875	176513	477259	435492
AT5G16400.1	TROF2, ATP2 - thioredoxin F2	8.82E-01	1.27	91	1	1	6h	0h	75859	63784	150141	94322	103939	93775	80827	128137	122209	83969	81691	99654	108041	77259	75098	96020	92629	115839	45215	69195	149452
AT5G02500.1	Ribosomal protein S7e family protein	8.82E-01	1.30	102	3	2	4h	0h	105169	361981	415722	381109	391007	322711	286111	596534	265669	295485	398910	477612	263183	273749	366970	248445	357868	372250	347472	450795	305656
AT4G21280.1,AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	8.85E-01	1.20	1021	16	13	0h	0h	159986651	173392330	149847498	124245905	127993390	165278351	145277905	127229512	137076442	98862587	158687184	185702786	124872997	121442694	177302591	121937909	129262510	151318888	168265587	124884974	147795994
AT3G12520.1	ATCCS, CCS - copper chaperone for SOD1	8.86E-01	1.26	206	3	3	10h	8h	225586	178109	229136	315763	255621	174519	265544	281446	184426	222583	293695	161175	264329	241871	96991	284123	262842	212738	200031	293164	189957
AT5G02080.1	Ribosomal protein S19e family protein	8.88E-01	1.43	87	2	2	4h	0h	101217	64747	170627	43710	113380	138321	69593	209303	122731	165720	138247	77745	77961	99054	106196	105884	121878	69810	105004	168525	115644
AT2G43945.1	unknown protein	8.88E-01	1.17	248	6	5	6h	2h	759810	814817	665914	578949	742626	838721	842344	542529	899438	783288	644367	1103488	820207	734247	840706	773096	678912	751788	901253	791109	801757
AT4G02100.1	Heat shock protein Dnaj with tetratricopeptide repeat	8.90E-01	1.35	26	1	1	24h	10h	1136357	886608	931252	871808	1479846	937256	1110028	1288409	863460	723142	1593614	419945	1343063	605720	895528	845157	1351433	686847	578644	868901	981993
AT3G21110.1	PUR7, PURC, ATPURC - purin 7	8.92E-01	Infinity	58	2	1	6h	0h	146	454	0	0	0	5409	0	2509	2137	0	0	23864	2636	0	0	0	0	0	27390	0	0
AT3G06810.1	Plant invasin/pectin methylesterase inhibitor superfamily	8.92E-01	1.19	29	1	1	24h	6h	756334	893030	911916	769539	688386	929324	966642	618910	847260	1048044	928584	905478	922128	991051	902568	961511	798590	879376	632300	1018656	1180640
AT2G37190.1,ATG53430.1	Ribosomal protein L11 family protein	8.93E-01	1.23	138	3	2	4h	0h	1841284	1116667	2377476	1865224	1893931	1471999	1335652	2450650	1863405	2057320	1708575	1948442	1511112	1698784	1494468	1480310	2033610	1672602	1017444	2225800	1389519
AT3G52290.1	IQD3 - IQ-domain 3	8.94E-01	3.04	20	1	1	6h	0h	5333	4291	2734	5155	4381	7223	8720	3697	5402	1180	3324	24232	1607	2453	9081	5300	2336	1814	17463	4135	2891
AT1G78870.1	UBC35, UBC13A - ubiquitin-conjugating enzyme 35	8.94E-01	3.06	157	3	3	6h	0h	17999	10370	15521	4761	7865	8186	7182	0	7865	18254	14245	0	3087	7046	7083	0	13990	6320	0	35874	16831
AT1G44820.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	8.94E-01	1.46	47	1	1	10h	8h	84849	62335	28081	63105	63226	72478	73843	45974	56741	57613	48827	103434	34813	87485	65189	62222	31133	54130	107700	52042	55537
AT5G22510.1	INV-E, At-A/N-Inv6 - alkaline/neutral invertase	8.97E-01	2.00	117	3	2	24h	4h	41045	47784	26013	34211	37791	36953	68665	38574	37341	41046	49794	87761	25744	51880	66360	59601	31671	34096	154347	40830	29208
AT3G46520.1,AT2G37620.1	ACT12 - actin-12	8.97E-01	1.35	487	8	1	2h	0h	29734	61448	26155	52834	41073	29860	25188	60140	46791	32984	65830	42152	40609	39960	43772	53728	60929	42009	44936	52885	19821
AT3G21130.1	KH domain-containing protein / zinc finger (CCCH type) family protein	8.98E-01	1.39	20	1	1	10h	8h	23135	26265	14262	18538	19947	19828	26067	27525	21099	7484	19274	42837	23319	17641	31499	9421	22631	21609	27023	17000	27967
AT3G39830.1	DEGP8, DEGP - Trypsin family protein with PDZ domain	8.98E-01	1.18	778	4	4	0h	2h	505147	527827	699156	465559	456438	548172	524598	433043	678117	441340	616964	586875	574266	468056	591007	479930	501408	547701	510846	502455	603566
AT5G15350.1	PMD5,ELT - methyltransferases 5 - early-responsive to dehydration stress protein 17	8.98E-01	1.84	29	1	1	6h	0h	52370	41777	21262	33451	39199	46805	87564	29178	38936	33548	94901	143476	36577	56529	102007	56776	20251	40972	141714	33622	29265
AT2G15270.1	Translation machinery associated TMA7	8.99E-01	Infinity	76	1	1	4h	0h	6156	0	2522	0	0	6583	2170	0	0	11552	0	0	3269	0	0	0	0	0	253514	0	0	0
AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	9.06E-01	1.16	230	3	1	4h	0h	4667	3519	11346	6739	8169	4490	6514	16689	6835	13312	4249	6487	6186	5839	7413	6210	6214	5697	2611	10013	7225
AT4G16370.1	Ribosomal protein L10 family protein	9.06E-01	1.44	286	6	2	4h	0h	476053	429963	647083	458430	611314	463168	463946	809108	567366	672365	762183	562586	250558	468695	328805	425890	404066	633098	318399	466973	319303
AT3G47520.1	MDH - malate dehydrogenase	9.01E-01	1.16	1126	15	13	24h	6h	8194689	8994309	7080431	7313462	7025118	7125445	7832635	7097770	7513735	7296265	6400354	10706609	7710857	7244969	7576560	7439262	8184603	7067847	10283788	7099587	7425949
AT5G66120.2,ATS66120.1	3-dehydroquinate synthase, putative	9.01E-01	1.29	302	5	5	6h	0h	731290	911341	823009	792921	764767	796947	884365	755864	793551	920066	764785	892151	806162	771056	790183	761356	972358	808563	988166	807940	698074
AT5G63400.1,ATS63400.2	AQH1 - aquaporin 1	9.01E-01	1.14	247	4	4	6h	0h	542900	542559	378624	552949	515932	434279	486035	447592	453488	541180	428288	617062	488769	512954	408302	391681	533894	464670	534737	504047	441847
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	9.02E-01	1.38	63	1	1	6h	0h	16208	10892	18727	18450	12513	17656	11653	17312	17405	12263	18898	15029	8968	12513	19384	15714	11701	23238	27005	15652	13907
AT3G46630.1	Protein of unknown function (DUF3223)	9.03E-01	1.23	305	2	2	24h	6h	34600	32965	31082	42113	37112	30221	40585	28239	25347	25317	34904	35669	26543	24475	34551	33553	30071	18451	59861	20752	20027
AT4G31290.1	AGD3 - ARGONAUTE 3	9.04E-01	1.38	35	1	1	4h	0h	149822	251969	95619	188000	137705	173252	214656	136501	121932	222077	159654	226526	159232	193129	172026	166685	188358	123867	365355	120404

AT5G25280.1	serine-rich protein-related	9.45E-01	1.32	58	2	1	0h	24h	880379	1358879	1017719	1247995	949105	640472	1177175	797898	861861	780913	541492	1485004	931253	1327032	698385	927532	956159	729442	902749	1021247	544229
AT1G04350.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	9.45E-01	1.18	73	2	2	8h	6h	198805	127390	169761	159033	133291	186605	192705	177592	148634	112699	183236	168459	162542	142963	240681	195467	122489	168296	198383	177265	159465
AT4G14440.1	ATEC3, EC3, HC01 - 3-hydroxyacyl-CoA dehydratase 1	9.45E-01	1.86	48	1	1	6h	0h	19486	11032	11638	27418	15770	15070	29732	10502	16985	13762	20884	43866	23735	16116	10279	18942	36375	11618	35504	23074	3516
AT3G26340.1	N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	9.46E-01	1.24	311	4	1	10h	0h	136978	127287	120595	170260	168033	115754	107247	173145	124468	192274	171446	95118	178321	135109	131449	152834	183938	140689	72944	184377	158556
AT5G16990.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein	9.47E-01	1.33	462	8	1	10h	0h	23487	23343	29507	23675	27813	30926	29337	16186	39279	29261	19877	46912	25942	26100	33445	39311	34656	27608	57329	18071	12328
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	9.47E-01	1.20	265	5	2	0h	8h	457093	425111	388174	370570	410323	432527	373670	410151	388378	456045	489544	263581	347535	370452	342741	350765	399989	455394	239880	483968	428388
AT3G13180.1	NOL1/NOP2/sun family protein / antitermination NusB domain-containing protein	9.48E-01	2.04	23	1	1	6h	10h	7506045	5235313	3231691	3384764	4817839	7257766	13209395	4429429	6446838	3321354	2973957	19327335	2940931	6706771	15567025	7377209	2016864	3146269	19012109	4511904	1782310
AT5G51830.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	9.48E-01	2.96	37	1	1	24h	2h	31154	29726	22280	19730	14413	17223	10733	21017	22076	12015	17986	22857	18551	23887	15294	23009	22692	72022	1533	77732	72644
AT5G16910.1	AAE7, ACN1 - acyl-activating enzyme 7	9.48E-01	1.25	292	7	6	6h	10h	1316608	1595703	1211687	1218068	1172126	1510450	1313147	1088271	1264001	1193971	1024417	2169197	1117948	1134600	1442139	1138649	1220245	1177305	1764994	1012136	1196586
AT4G38800.1	ATMTN1, ATMTAN1, MTN1, MTAN1 - methylthioadenosine nucleosidase 1	9.49E-01	1.24	65	1	1	24h	0h	115505	149289	106187	159744	121241	115801	155066	102073	122767	93130	162521	162885	121215	158363	134574	140317	169501	124144	218955	122650	117318
AT3G19170.1;AT3G19170.2	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	9.53E-01	1.08	1758	37	24	24h	8h	6356971	6625665	5515480	6216460	6209531	5829749	5712258	6228841	6045299	5941349	6441568	5919824	6100317	5727466	5584069	6473636	6744121	5405577	7167989	5978971	5601481
AT1G52822.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	9.53E-01	1.26	97	2	2	4h	10h	148483	156881	117414	111856	159738	195043	195296	126239	211174	148799	96760	282990	168027	107500	156146	111265	185850	124831	156969	169272	142125
AT1G54580.1	ACP2 - acyl carrier protein 2	9.54E-01	1.41	66	1	1	6h	8h	765556	588050	434642	650303	643566	649437	769288	446985	635798	600598	509634	1352618	461196	617192	669262	716866	490466	573145	1030071	494367	444348
AT3G59980.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	9.54E-01	1.16	311	7	7	0h	10h	1635381	1345447	1161419	1448138	1173203	1187827	1442527	1175534	1231033	1142297	1189736	1670498	1587482	1292589	1130583	1220536	1241557	1111936	1431756	1052959	1457268
AT3G04780.1	Protein of unknown function (DUF1000)	9.55E-01	1.31	77	1	1	6h	10h	127045	114462	63347	118829	82223	114794	114238	82927	80393	79356	98167	155117	86341	105769	107692	92405	78522	82585	162014	77093	51395
AT2G23420.1;AT4G36940.1	NAP8T2 - nicotinate phosphoribosyltransferase 2	9.55E-01	1.29	94	3	2	24h	0h	10047	17345	19233	25118	18876	15094	17969	18406	22811	18727	23222	10616	13965	24525	12108	14941	13067	21434	9954	18979	31082
AT2G42130.3;AT2G42130.5	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	9.57E-01	1.37	175	3	1	2h	24h	26551	38411	47903	54841	23482	42617	26984	40751	26249	35558	29635	30757	53658	23526	32602	15671	47053	40490	19814	28734	39465
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	9.59E-01	1.22	124	2	2	6h	2h	212883	188505	264845	172535	209502	216441	147397	187843	281233	277996	287770	167148	195139	176968	303342	235883	211103	245151	319014	176122	197679
AT1G04801.6;AT2G12280.1	THF5 - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	9.59E-01	1.12	779	13	13	8h	10h	2133986	2508381	1507053	2137057	1823524	2074589	2297442	1897538	1751912	2185407	2090521	2214815	2445191	2474708	1657419	1824711	2484283	1556925	2343360	1982286	2088066
AT4G22380.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.59E-01	2.14	26	1	1	24h	8h	14409	4486	27736	13049	21807	3879	9195	28867	5873	22735	7339	33520	11869	6697	17869	7521	13772	18755	35369	37669	4776
AT5G15200.1;AT5G39850.1	Ribosomal protein S4	9.61E-01	1.37	262	6	6	4h	8h	825022	587022	1205140	915675	952096	845615	741540	1569401	965572	1221568	1171784	443567	739746	679988	970568	945476	1028662	632182	635530	1191816	651836
AT2G40301.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	9.62E-01	1.19	133	3	2	6h	10h	371333	248055	194811	265853	249320	323843	345619	230328	330698	261904	265658	398179	270529	237690	279291	249863	228399	300758	408089	241551	212724
AT4G31300.1;AT4G31300.2	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	9.62E-01	1.15	310	6	6	24h	2h	982773	963103	803312	914248	868202	816312	912840	788930	961776	982294	726566	1099627	840285	953430	953461	922205	1005317	886925	1281249	865238	843074
AT3G22670.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	9.63E-01	2.46	21	1	1	6h	24h	59960	23670	103587	91109	31151	50674	51273	37047	40917	83157	9269	210906	51073	96238	68686	55942	50744	79964	32543	62372	28630
AT4G03200.1	catalytics	9.64E-01	1.26	108	2	2	24h	6h	44318	85398	73067	60658	73790	51837	71118	58043	45782	69321	42631	60199	64600	54154	63319	88961	75039	26798	85678	58546	72448
AT1G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	9.69E-01	1.16	352	7	5	2h	24h	575863	546272	419634	688539	475675	479894	611869	492919	416733	659924	485016	494429	609610	570175	357727	475469	604161	387222	552743	453729	409826
AT2G32520.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.72E-01	1.10	175	4	4	24h	4h	708778	734282	630485	666981	686030	596631	567495	684202	679786	718904	555762	791412	639619	725971	732794	536783	713345	698194	901414	671770	549343
AT5G28190.1	CSD2, CSD202 - copper/zinc superoxide dismutase 2	9.72E-01	1.36	559	6	6	0h	8h	21614780	18799155	8377678	16168571	13899681	8433049	18076139	16191141	9004449	16837524	15243441	8715534	14686104	12460496	8618279	16416035	16684788	11251397	16568794	14345283	9481270
AT4G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	9.74E-01	1.61	81	2	2	2h	4h	63030	57249	82907	58828	55600	124382	71104	29762	47326	21921	66546	135737	44150	43497	105982	43230	38425	153448	51281	93885	41185
AT1G13060.1	PBE1 - 20S proteasome beta subunit E1	9.74E-01	1.31	354	4	1	24h	10h	472849	612286	223692	403336	270931	433639	294323	349249	441458	544097	209150	525411	418438	302133	412716	345387	387540	294269	576734	434103	338202
AT5G57503.1	Ribosomal protein L35.Ae family protein	9.74E-01	1.27	36	1	1	6h	8h	10571	8831	19960	12873	17731	10211	11851	21205	7837	19040	11477	16647	15659	11500	9874	9695	17618	10438	7527	17509	12258
AT1G79790.1;AT1G79790.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	9.74E-01	1.16	158	3	3	2h	4h	94783	79068	89822	132842	66796	87694	72207	97654	78837	99748	88748	94291	97528	75234	94118	105925	104955	71781	106958	75385	76618
AT4G35450.1;AT4G35450.4	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	9.74E-01	1.08	664	9	8	24h	8h	4007894	3396080	3469151	3451899	3900747	3571583	3777738	3221462	3833949	3578363	2829739	4084473	3180053	3733832	3415043	3398517	3593382	3553307	4333285	3338001	3494974
AT1G61660.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	9.76E-01	1.22	122	2	2	24h	10h	111695	83361	63982	107197	87328	91643	144456	63462	65432	89760	83783	119641	119621	114820	50813	95144	94799	65403	135421	86884	88927
AT1G13270.1;AT1G13270.2	MAP1C, MAP1B - methionine aminopeptidase 1B	9.78E-01	1.44	233	5	5	6h	8h	1704146	1823106	1611769	1721158	1531385	1628991	1837704	1483070	1426609	966953	1468079	3884548	1350033	1259305	1779527	1395137	1437055	1574053	2118780	1382538	1363603
AT3G07670.1	Rubisco methyltransferase family protein	9.78E-01	4.54	44	1	1	24h	4h	2907	12163	12207	15445	9888	11807	11049	6702	6989	5923	1370	69792	8125	7377	11716	12789	10521	11522	101012	5146	6177
AT1G03090.1;AT1G03090.2	MCCA - methylcrotonyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial / 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase 1 (MC	9.80E-01	4.56	90	1	1	0h	2h	46107	0	0	0	3068	7055	21251	0	8836	11616	2265	0	0	0	20301	12875	0	8112	0	15105	11377
AT5G57020.1	NMT1, ATNMT1 - myristoyl-CoA:protein N-myristoyltransferase	9.80E-01	1.13	154	4	4	10h	6h	354092	194792	310217	261873	291611	289386	277111	288117	305414	301218	301490	189391	305650	286353	272045	248144	322265	322268	233519	326089	297015
AT1G77090.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	9.83E-01	1.16	308	4	4	24h	10h	848726	1087468	1117215	879293	1074104	1098928	906585	922643	1073951	840480	947246	1109590	976020	963783	1071099	818938	1012700	1010953	863651	876411	1551679
AT5G58120.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	9.84E-01	1.58	21	1	1	24h	4h	7502	4932	8901	14605	3332	7587	5217	6477	6659	10867	4231	3641	6259	6698	6754	14005	4742	4261	12287	13400	3327
AT5G13490.1	OVA5, ATVR5-2 - Lysyl-tRNA synthetase, class II	9.88E-01	1.11	146	3	3	0h	8h	92049	138956	115982	111251	107034	121327	118165	115944	101546	108065	111793	107347	114234	101644	97933	110006	115904	103977	142323	83654	106236
AT3G59760.1;AT3G59760.2	OASC, ATCS-C - O-acetylserine (thiol) lyase isoform C	9.89E-01	1.10	148	5	2	6h	0h	290169	438657	312775	327574	334731	413962	391460	327122	372000	274556	401113	467365	395182	334910	391184	388253	381858	362623	424262	332417	333543
AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	9.89E-01	1.49	97	2	2	6h	4h	109404	92357	28761	36577	74743	95215	70743	42324	46193	55087	44168	137707	54144	91042	63049	70232	44350	69779	106329	55019	46927
AT2G45990.1;AT2G45990.4	unknown protein	9.90E-01	1.11	251	6	6	24h	8h	573319	867625	782608	819549	752775	685986	718827	655749	818465	768520	613128	845504	638060	779367	680539	821369	779787	682350	962316	733093	635382
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	9.92E-01	1.07	475	7	7	0h	24h	2358619	2447467	2417329	2106267	2138032	2707386	2301233	2139466	2338104	2247940	2004630	2743731	1988015	1926409	2885312	2007588	2409824	2386485	2331390	2067743	2371056
AT4G27060.1	TOR1, SPR2, CN - ARM repeat superfamily protein	9.92E-01	1.14	27	1	1	2h	10h	277323	277133	299243	394078	267501	235639	237332	338280	256707	224115	292867	301896	323533	282546	224183	223511	279973	285641	280258	229827	315166
AT4G01070.1;AT4G01070.2	GT72B1, UGT72B1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	9.93E-01	1.37	140	4	4	6h	8h	205716	198101	187602	197888	198642	189629	214837	220041	166851	156560	199921	475703	181123	207245	188653	190926	188708	200839	364827	154212	195352
AT1G10670.1;AT1G10670.3;ATT1G60B10.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	9.95E-01	1.51	205	6	3	6h	10h	294222	394144	288829	457945	275523	284024	505273	230108	265243	374348	146089	742799	271807	342872	261255	306646	279886	249625	480375	297354	169012
AT5G42850.1	Thioredoxin superfamily protein	9.95E-01	1.55	40	1	1	6h	2h	42594	27459	29702	35327	29745	28994	23312	49139	51276	42528	90197	13312	58634	46798	16169	29568	50605	49509	55014	43933	15375
AT5G14740.2;AT5G14740.1;AT5G14740.3;AT5G	CA1, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	9.96E-01	1.07	1973	27	13	6h	24h	44962049	48263503	44085027	45007165	44935459	43635472	48424351	41318478	46096453	47797923	37384358	55371274	43432179	51605303	41769769	45338403	47748516	42074533	49890532	37194737	44391371
AT5G56680.1;AT1G70980.1	SYNC1, EMB2755, SYNC1 ARATH - Class II aminoacyl-tRNA and biotin synthetases superfamily protein	9.96E-01	1.32	355	10	10	24h	6h	641922	990031	627123	784213	794698	664927	994574	556359	633938	747747	490018	774975	653226	607042	1086311	811027	827776	664259	1523395	699090	439167
AT5G17310.2;AT5G17310.1	UGP2 - UDP-glucose pyrophosphorylase 2	9.97E-01	1.04	1057	18	5	10h	2h	786030	872236	958037	732886	886195	951528	892919	843096	891568	913749	816524	903963	827089	868818	923099	903773	869548	887470	858813	829217	960378
AT2G44100.1;AT5G09550.1	ATGDI1, AT-GDI1, GDI1 - guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1	9.97E-01	1.12	417	7	3	10h	6h	124847	157398	89871	121971	130855	108875	135985	114449	108812	140637	115249	92514	123054	114077	120826	124799	144486	121866	70294	169918	146517
AT4G29160.1	SNF7.1 - SNF7 family protein	9.98E-01	1.17	75	2	2	6h	10h	111334	157285	90081	111644	88317	142132	148859	71531	114572	59054	71086	235083	112950	114566	123747	91786	100148	119489	68583	179483	87916
AT3G18740.1;AT1G36240.1;AT1G77940.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.98E-01	1.29	92	2	2	6h	0h	381076	369085	707318	400665	614324	465268	466663	701050	445480	704918	912798	260041	563812	439940	483042	561823	582248	416395	426060	777097	394761
AT5G65010.2;AT5G10240.1;AT5G65010.1	ASN2 - asparagine synthetase 2	9.98E-01	1.08	517	9	9	2h	8h	3021254	3030307	2138296	3154479	2822169	2598297	3254111	2711287	2134665	2822626	2615055	2812930	2748867	2925453	2276551	2834816	2814048	2431288	3473303	2847506	2080832
AT1G20020.1;AT1G20020.2;ATTG20020.3	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	9.98E-01	1.06	1580	23	20	8h	4h	14290394	15306494	12202250	13164602	13268044	15501878	14600737	12709970	14058352	15694099	10061159	16048216	13934243	16669630	13089315	12211239	14505835	15357435	15917264	12664338	14737795
AT3G02760.1	Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	9.98E-01	2.28	120	3	2	6h	0h	6141	3308	7727	4709	5046	8078	7942	7525	5520	1161	15119	22915	8410	6251	4947	4593	12922	7151	25874	4897	2618
AT4G13850.1;AT4G13850.4	ATGRP2, GR-RBP2, GRP2 - glycine-rich RNA-binding protein 2	9.99E-01	1.05	83	2	1	8h	2h	447669	391901	413571	424621	439029	352816	427733	415416	385919	434489	395088	389722	443716	338398	497825	407055	422337	388446	482436	415323	336746
AT1G63700.1	EMB71, YDA, MAPKKK4 - Protein kinase superfamily protein	9.99E-01	1.40	25	1	1	6h	2h	20202	59578	23624	27170	24822	27862	20289	23938	39940	21299	16946	73771	23680	24854	32372	21413	53817	24487	15129	46364	37388

Tabelle B13-a

4-6h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	1.54E-08	2.04	155	3	5	5	5		463614	391806	473194	425898	389858	433964	206438	229248	190127	205116	208296	225769
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	4.22E-08	7.72	29	0	2	1	1		7368	7026	6371	6162	8046	6501	955	785	1550	804	678	601
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	7.24E-07	2.88	122	8	4	2	2		99822	88179	93391	90971	82473	89654	23876	23966	32635	28319	40427	39597
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	5.55E-06	2.48	359	16	9	5	4		181973	129901	197521	153111	150248	135189	58111	70892	67237	43759	67994	74763
AT1G07000.1	ATEXO70B2, EXO70B2 - exocyst subunit exo70 family protein B2	7.25E-06	2.28	83	4	1	1	1		4883	4683	4303	3455	3646	4394	2180	2204	1626	2158	1450	1522
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	7.82E-06	20.81	94	3	1	2	2		22740	9569	25518	8767	9707	7698	883	789	1338	580	208	238
AT1G24160.1	unknown protein	2.44E-05	2.08	43	5	3	1	1		3137	3470	4539	4820	2968	3890	1861	2021	1597	1550	1720	2224
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	3.04E-05	2.69	256	3	3	3	2	AT2G25430.1	38081	37422	35584	52226	33140	49706	20772	20550	11183	13024	10733	15283
AT3G04180.1	RmlC-like cupins superfamily protein	3.18E-05	3.30	26	1	0	1	1		7093	7566	7248	5598	6057	5756	2651	3097	1482	1474	2156	1043
AT4G14400.1	ACD6 - ankyrin repeat family protein	3.63E-05	9.23	50	1	4	1	1		4722	6631	3748	2916	4973	5147	455	560	93	758	710	471
AT5G52650.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	6.35E-05	2.12	107	0	0	2	2	AT4G25740.1	48989	40768	50106	37224	34532	35749	18874	21915	22924	12073	20867	20093
AT2G31865.1	PARG2 - poly(ADP-ribose) glycohydrolase 2	8.17E-05	4.45	25	0	1	1	1		402	627	290	529	693	434	128	170	164	69	48	88
AT3G19050.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	1.34E-04	2.79	75	0	0	1	1		1921	2898	2346	4311	2275	3823	921	903	1628	1194	794	846
AT1G72390.1	unknown protein	3.16E-04	4.33	50	19	5	1	1		8259	7061	6237	2344	3684	2193	1188	1245	881	1218	1523	828
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	6.03E-04	2.72	171	1	0	3	1		26695	26466	21353	16604	16318	16233	4693	6957	3455	8395	9229	12688
AT2G20450.1	Ribosomal protein L14	6.09E-04	2.57	47	0	0	1	1		1379	1144	1797	1680	1367	1881	545	302	665	328	842	910
AT2G24820.1	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	7.89E-04	2.16	74	2	4	2	2		21865	29346	23117	26492	21188	24251	15669	14376	5697	7080	12751	11989
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	1.69E-03	2.25	66	6	0	1	1		7366	6008	8139	5377	4718	6222	3135	3333	1713	1245	3731	3670
AT5G55210.1	unknown protein	1.75E-03	3.52	71	3	1	1	1		1727	1171	3217	2550	984	4074	734	651	511	960	310	734
ATCG00170.1	RPOC2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	1.78E-03	2.17	49	4	4	1	1		1541	1104	1430	1013	1401	1021	1036	457	510	775	383	302
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.85E-03	2.85	94	19	11	1	1		45420	35448	50235	24612	20849	25447	16483	15624	3975	9943	13713	11092
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	2.45E-03	2.92	23	3	2	1	1		2038	1138	2841	1891	1094	1923	1429	537	573	205	471	520
AT4G19550.2	zinc ion binding;transcription regulators	2.78E-03	2.30	33	1	0	1	1		8303	8616	10325	16923	6905	15149	6951	5713	2960	2738	5109	5336
AT2G32240.1	unknown protein	2.97E-03	2.25	47	1	1	2	2		8685	4990	9851	6755	5814	7688	4952	2862	1431	2019	3359	4844
AT5G28910.2	unknown protein	3.25E-03	2.44	26	0	0	1	1		2252	978	2564	1451	1171	1949	1011	830	423	346	844	790
AT1G08370.1	DCP1, ATDCP1 - decapping 1	3.30E-03	3.12	35	2	3	1	1		10541	3123	14992	6485	5413	8456	2226	3229	1170	2234	4080	2793
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	3.38E-03	2.05	69	7	8	1	1	AT3G59290.1	5386	2182	4794	3999	2473	4618	1885	2634	2258	1600	1609	1481
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	3.47E-03	2.21	249	5	2	3	3		95568	50801	87959	79275	47127	76559	34397	35663	19605	15812	47861	44734
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	3.77E-03	2.30	94	1	1	1	1		36160	14432	26966	27099	19404	18233	9453	17091	5716	5279	12735	11505
AT4G24800.1	MA3 domain-containing protein	3.81E-03	3.22	50	0	0	1	1		2703	1934	2454	4132	1875	3091	730	1256	946	141	775	1175
AT4G20360.1	ATRAB8D, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	4.24E-03	2.64	131	3	1	1	1		45933	42748	40679	17457	27987	23096	11709	15890	5743	5333	15571	20664
AT2G45710.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	4.59E-03	2.89	51	1	1	1	1		11830	10586	12889	4242	8348	4071	3082	4132	1234	4564	1991	2993
AT3G52230.1	unknown protein	4.64E-03	6.09	21	1	0	1	1		14929	5892	12724	28697	4065	19683	1563	4242	344	409	3566	4004
AT1G68990.1	MGP3 - male gametophyte defective 3	4.65E-03	2.73	21	1	2	1	1		10355	4611	12228	16231	4552	14692	3183	2983	4193	3229	5573	3824
AT3G55960.1	ATRABA3g, RABA1g - RAB GTPase homolog A1G	4.75E-03	3.88	26	0	0	1	1		1655	904	1567	1067	479	1418	1565	734	1224	720	1060	1310
AT4G56610.1	unknown protein	5.01E-03	3.89	29	1	0	1	1		1666	429	1347	671	522	655	356	320	56	64	250	312
AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	5.02E-03	5.22	69	1	0	1	1		1496	2264	1138	6704	787	5895	678	820	308	528	452	716
AT4G39460.1	SAMC1, SAMT1 - S-adenosylmethionine carrier 1	5.36E-03	2.12	103	0	1	1	1		21139	44000	17315	28525	24541	19537	17494	17411	6352	12776	7838	11242
AT5G43960.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	5.53E-03	2.38	64	2	3	1	1		31313	45229	33946	19642	27308	14736	8348	7187	8057	8162	19417	21169
AT3G44340.1	CEF - clone eighty-four	6.68E-03	2.42	47	10	4	1	1		7847	6077	8637	8478	6378	10437	5857	6216	2992	2421	1014	1246
AT3G57390.2	AGL18 - AGAMOUS-like 18	7.67E-03	2.45	25	1	0	1	1		3366	1551	2629	1344	1798	679	804	766	885	615	885	685
AT5G64270.1	splicing factor, putative	7.87E-03	2.32	85	5	26	1	1		4372	10145	4273	12236	5969	8936	5736	3629	3039	1632	3445	2314
AT3G25520.1	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	8.02E-03	2.11	114	0	1	1	1		6309	5783	5715	6202	2456	5216	2090	1968	1145	2106	3201	4490
AT4G22690.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	8.39E-03	2.20	84	4	1	1	1	AT4G22710.1	7932	15480	7426	12348	8546	7205	4192	3109	1649	3123	7015	7720
AT2G28780.1	unknown protein	8.46E-03	3.32	22	3	3	1	1		50694	24072	54325	89641	17834	89800	23992	24027	6644	9325	16678	17668
AT1G04820.1	TUA4, TOR2 - tubulin alpha-4 chain	8.78E-03	2.31	188	1	0	3	1		38060	25830	35075	26346	22719	35132	12027	16507	4639	4111	15096	26819
AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	8.89E-03	2.11	150	5	2	2	2	AT4G31490.1	50452	68566	58641	86621	64163	74471	8931	43621	22369	28556	42901	44525
AT3G05910.1	Pectinacetylesterase family protein	8.94E-03	2.19	37	1	2	1	1		3206	2514	3316	3797	1944	3933	1860	2093	1450	1979	653	496
AT2G37620.1	ACT1, AAc1 - actin 1	9.15E-03	2.07	32	0	0	1	1		21093	21570	19994	40978	16867	36301	13882	15724	7248	6174	15754	16797
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	9.20E-03	2.74	93	1	4	2	1	AT2G36390.1	55244	20757	45728	60324	22477	51013	20996	19740	5284	5880	20232	21194
AT5G10630.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	9.30E-03	2.26	134	4	1	2	1		12448	4877	15055	6798	8484	6784	6650	6690	2914	2109	2805	2927
AT1G29310.1	SecY protein transport family protein	9.72E-03	2.55	62	1	1	1	1		3516	8530	4158	8962	7026	9762	5103	5190	930	1626	1390	2182
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	1.01E-02	2.73	76	1	0	1	1		41615	27292	38171	90338	20916	75172	21316	20570	8362	9808	23394	24123
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	1.02E-02	2.05	33	0	0	1	1		4450	2530	5118	2845	2639	2829	3335	2586	904	1047	1004	1087
AT3G55130.1	ATWBC19, WBC19 - white-brown complex homolog 19	1.04E-02	2.09	25	2	2	1	1		66441	24003	49759	66136	28182	51364	34122	31162	20369	19486	13438	18241
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	1.05E-02	2.87	62	7	2	1	1		2352	3366	6973	10937	2753	9146	2553	2301	1241	2139	2167	1988
AT1G79280.1	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	1.08E-02	3.28	188	10	3	3	2	AT1G79280.2	26618	8385	29411	47607	9692	44459	8995	11272	5613	6452	9383	9014
AT5G24450.1	Transcription factor IIIC, subunit 5	1.14E-02	2.05	21	2	0	1	1		7450	6435	6534	5455	4094	3861	3346	3434	1256	1081	4132	3286
AT5G52140.1	RING/U-box superfamily protein	1.22E-02	2.19	22	1	0	1	1		4421	2022	4921	5858	2933	6373	3885	2291	1186	1125	1423	2202
AT1G16460.1	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	1.29E-02	4.88	47	2	0	1	1		2942	646	3037	2021	487	2051	291	629	47	44	600	679
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	1.32E-02	2.17	183	1	3	2	1	AT5G02490.1;AT1G56410.1	17575	18113	14022	9462	7174	8707	6109	4150	2226	3731	8215	10132
AT1G54490.1	AIN1, EIN5, XRN4, ATXRN4 - exoribonuclease 4	1.33E-02	2.29	25	4	2	1	1		2437	1623	2893	3139	1922	3143	2439	2051	576	846	309	390
AT3G54700.1	bacterial hemolysin-related	1.35E-02	2.44	30	1	0	1	1		21748	5515	21757	15413	10353	8970	2850	5425	8880	3586	7599	6056
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	1.43E-02	2.00	158	1	0	3	1		7683	7305	9384	3837	6945	3086	4057	3725	1773	2356	3593	3605
AT1G52510.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.45E-02	3.13	50	6	1	1	1		11431	2955	8664	3490	3396	1570	1248	2412	1973	1372	1171	1885
AT4G12320.1	CYP706A6 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 6	1.47E-02	2.31	32	4	2	1	1		4432	3048	1856	5467	4140	2555	3521	2833	695	802	626	838
AT5G54750.1	Transport protein particle (TRAPP) component	1.55E-02	2.10	99	0	0	1	1		50046	40694	52450	118852	35804	99603	20940	50220	27248	31958	30981	27966
AT2G45070.1	SEC61 BETA - Preprotein translocase Sec, Sec61-beta subunit protein	1.59E-02	2.40	62	1	0	1	1		5788	2672	5094	12907	3831	7757	2731	2613	1453	1550	3958	3568
AT5G66550.1	Maf-like protein	1.63E-02	2.36	21	1	0	1	1		77721	62266	64053	69788	28591	45127	38240	27591	6397	8844	37411	28787
AT4G08850.1	Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein	1.66E-02	3.32	63	3	1	1	1		1858	2042	2000	8323	2015	7870	1699	1373	432	750	1285	1719
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	1.72E-02	3.36	25	4	2	1	1		4466	845	2170	1147	1538	1942	268	304	47	80	1173	1727
AT4G29130.1	ATHKK1, GIN2, HXK1 - hexokinase 1	1.75E-02	2.04	60	1	2	1	1		5449	8419	4980	4747	4329	4277	2831	4023	921	941	4353	2723
AT1G80070.1	SUS2, EMB33, EMB177, EMB14 - Pre-mRNA-processing-splicing factor	1.76E-02	2.04	101	9	6	2	1		1958	1446	1933	3060	1247	3979	1376	1779	1351	699	801	675
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	1.77E-02	3.06	118	3	2	1	1		29140	13591	23055	36807	13391	26473	15047	19990	7888	2178	648	827
AT4G11380.1	Adaptin family protein	1.80E-02	2.56	105	2	3	1	1		44358	31330	43564	82952	28959	68103	3710	33866	7738	10509	30822	30120
AT1G07110.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	1.81E-02	6.78	116	5	4	1	1		2714	1365	297	7375	1049	5363	84	667	701	506	437	284
AT1G08360.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	1.82E-02	2.07	57	0	0	1	1		4281	2947	5721	9081	2841	7721	3058	3075	1801	1553	3421	2806
AT4G20400.1	JMJ14, PKDM7B - JUMONJI 14	1.91E-02	2.12	26	5	3	1	1		3778	4602	4057	6626	3813	10498	3155	4628	1181	1120	2614	3036
AT5G51120.1	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	1.92E-02	2.19	118	0	1	2	1		90030	61167	60935	146912	51369	93469	37582	38981	32523	9892	41688	69464
AT5G02500.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	1.94E-02	2.32	138	0	2	2	1		8278	9878	7816	21978	8865	20036	1753	4552	3192	4359	9280	10037
AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.05E-02	3.27	48	14	7	1	1		13532	4098	8997	3560	3288	1616	1537	1422	1148	548	1639	4448
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.08E-02	2.51	52	4	2	1	1		5445	2533	2686	3039	2237	1479	235	320	1261	1983	744	2383
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	2.09E-02	3.67	89	0	2	1	1		31125	7584	11449	23100	3710	20784	2808	3154	3323	656	6157	10552
AT3G12050.2	Aha1 domain-containing protein	2.14E-02	2.56	86	0	0	1	1		17163	6950	11032	30874	9127	32991	6652	8906	4149	9587	4852	8129
AT3G46830.1	ATRAB11A, ATRABA2C, ATRAB-A2C, RAB-A2C, RABA2c - RAB GTPase homolog A2C	2.18E-02	4.05	84	0	0	2	1		1883	741	1644	5570	809	6358	507	951	388	427	754	1171
AT2G43680.1	IQD14 - IQ-domain 14	2.19E-02	2.24	21	25	11	1	1		11692	3798	8550	5744	4154	4023	3162	5742	1136	1099	3049	2725
AT1G11770.1	NRP1D, NRP1D, NRP1E1D - RNA polymerases N / 8 kDa subunit	2.23E-02	3.15	24	0	0	1	1		35238	13775	41241	8071	16582	2913	1569	7224	7839	5839	7054	9149
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	2.23E-02	2.46	84	3	0	1	1		15065	5353	19665	22562	6445	20460	6353	5254	3754	3458	7480	10099
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.24E-02	2.25	89	7	7	1	1		3092	1073	2776	4954	1922	3826	1391	2325	1286	559	1078	1215
AT1G01160.1	GIF2 - GRF1-interacting factor 2	2.27E-02	2.28	38	4	2	1	1		1360	801	1273	1645	785	927	727	1010	139	96	485	516
AT5G47690.1	binding	2.31E-02	3.18	78	4	5	1	1		490	606	452	2373	524	1514	411	403	104	78	665	216

AT5G16270.1	ATRAD21.3, SYN4 - sister chromatid cohesion 1 protein 4	2.42E-02	10.08	66	1	6	1	1		260	249	207	3307	181	994	289	81	0	33	0	113
AT4G12590.1	Protein of unknown function DUF106, transmembrane	2.43E-02	7.14	60	0	2	2	2		738	766	935	9613	672	8423	1315	1351	158	54	70	14
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	2.52E-02	2.53	24	0	1	1	1		21192	10472	18948	33495	7839	35867	15730	13971	3941	8871	4229	3827
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	2.57E-02	2.64	97	2	0	1	1		68160	53065	74367	125136	58886	129007	44061	47196	43863	47624	5036	4617
AT1G04080.1	PRP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.58E-02	2.08	121	3	2	1	1		8159	5692	7312	16379	4051	13966	6044	6012	3058	3151	3737	4750
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	2.67E-02	2.30	149	1	3	2	2		124657	98965	138842	299086	71140	319827	94763	95134	46310	53650	87258	80112
AT1G55020.1	LOX1, ATLOX1 - lipoxygenase 1	2.87E-02	6.81	25	0	4	1	1		36	121	22	256	75	421	10	48	0	51	0	27
AT2G47840.1	Uncharacterised conserved protein ycf60	2.97E-02	2.13	56	0	3	1	1		11543	21053	7818	25208	16184	19104	15097	9496	2197	3291	10608	6636
AT5G22950.1	VPS24.1 - SNF7 family protein	3.01E-02	2.05	130	0	0	1	1		15426	12345	13586	30897	7848	30713	11547	9642	10302	9815	7401	5227
AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family protein	3.03E-02	2.44	44	1	1	1	1	AT3G09200.2;AT2G40010.1	70982	32710	72779	29783	25601	32274	29079	31800	19815	19840	4030	3827
AT1G48120.1	hydrolases;protein serine/threonine phosphatases	3.05E-02	3.21	38	4	5	1	1		2947	1013	3382	6211	1040	6279	2269	1892	330	368	828	823
AT4G13940.1	CYP71B28 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 28	3.07E-02	3.94	28	0	0	1	1		57	313	97	227	177	479	104	0	40	0	143	0
AT2G14740.1	ATVSR3, VSR3, VSR2;2, BP80-2;2 - vacuolar sorting receptor 3	3.10E-02	2.45	21	2	1	1	1		8581	7101	7971	1983	9102	4666	850	4015	803	2907	3162	4337
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	3.10E-02	2.46	75	4	1	1	1		2673	4094	1934	9282	2955	7407	2742	2195	665	1130	2138	2666
AT5G14040.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	3.20E-02	2.12	88	7	1	1	1		107705	107055	126243	179303	116313	164918	8233	100605	52007	64081	73344	79936
AT3G27670.1	RST1 - ARM repeat superfamily protein	3.24E-02	2.31	20	5	4	1	1		17070	6975	21310	14456	9165	11667	9342	8345	1534	1057	6866	7754
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	3.26E-02	21.92	88	0	2	1	1		2438	590	507	12953	79	26859	485	0	502	993	0	0
AT4G25080.1	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	3.31E-02	3.05	46	0	1	1	1		1417	994	1376	4807	1052	4730	1901	1989	357	298	106	57
AT5G01590.1	unknown protein	3.34E-02	2.32	34	3	3	1	1		1019	602	1575	1907	656	1365	869	1185	365	432	127	92
AT5G43470.1	RPP8, HRT, RCY1 - Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	3.41E-02	2.08	59	1	0	1	1		2984	2102	2761	4002	2854	3235	1632	1858	374	228	2192	2319
AT1G33680.1	KH domain-containing protein	3.43E-02	10.57	70	1	6	1	1		2896	332	2665	6879	725	9950	0	818	0	284	805	312
AT2G07050.1	CAS1 - cycloartenol synthase 1	3.50E-02	2.21	51	3	1	1	1		5586	5869	6147	10393	4881	9605	4393	4798	502	747	4243	4559
AT2G03120.1	ATSPP, SPP - signal peptide peptidase	3.58E-02	9.31	45	0	2	1	1		39	386	67	998	208	2148	91	8	23	3	216	71
AT1G60000.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.59E-02	2.01	27	0	1	1	1		18346	7941	20600	22292	9756	24440	14616	14475	7816	7181	3740	3670
AT5G17020.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	3.59E-02	4.06	99	1	1	1	1		14598	12123	15393	79936	9479	69320	12058	11503	1954	2074	11842	10076
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	3.77E-02	2.09	73	2	3	1	1		15174	5848	13343	20778	9470	19708	2662	5945	7581	2159	9706	12308
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	3.79E-02	5.23	37	5	3	1	1		6866	2385	7148	31240	2050	30201	1810	6384	946	1227	2093	2809
AT4G03130.1	BRCT domain-containing DNA repair protein	3.82E-02	2.64	25	9	3	1	1		5204	1022	2377	1592	1197	789	646	1334	1071	240	711	610
AT1G14650.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	3.85E-02	2.01	54	1	0	1	1		20581	16682	21606	41250	16531	41839	3371	22220	16394	17136	9492	10078
AT3G50500.1	SPK-2-2, SNRK2-2, SNRK2.2, SRK2D - SNF1-related protein kinase 2.2	3.87E-02	2.06	27	3	2	1	1		7608	4765	7062	5830	3606	4734	5134	4975	2621	2489	421	693
AT5G64160.1	unknown protein	3.91E-02	2.17	59	0	0	1	1		6115	7156	5524	8342	1710	5496	817	1644	2218	3054	4186	3877
AT3G10300.2	Calcium-binding EF-hand family protein	4.04E-02	4.64	50	5	0	1	1		1763	268	2172	4779	645	4578	952	836	87	195	354	636
AT4G19010.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	4.17E-02	5.57	22	1	0	1	1		168	57	209	179	10	210	25	42	49	0	30	2
AT5G41790.1	CIP1 - CDP1-interactive protein 1	4.18E-02	2.14	66	0	0	1	1		59403	18819	72581	49329	18421	46889	37463	33402	14152	13939	10790	14439
AT3G14710.1	RNI-like superfamily protein	4.32E-02	2.30	26	6	1	1	1		358	387	456	1460	276	383	156	108	95	170	447	470
AT5G10630.2	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	4.42E-02	2.34	64	4	1	1	1		5004	3163	5235	12982	4111	16811	3655	2068	3943	2420	4514	3659
AT4G12780.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	4.46E-02	2.22	122	7	2	1	1		11575	7411	12560	22600	3500	16430	3519	4826	4219	4681	8639	7437
AT4G31320.1	SAUR-like auxin-responsive protein family	4.49E-02	2.49	25	1	1	1	1		54266	10698	16659	49506	14416	27977	10896	14619	21620	4953	3671	14034
AT1G75370.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	4.51E-02	2.26	22	3	2	1	1		794	464	1131	1081	449	1198	922	697	341	182	93	28
AT5G60230.1	SEN2, ATSEN2 - splicing endonuclease 2	4.53E-02	2.61	22	1	0	1	1		36855	16646	45700	36425	19709	29106	21686	17695	1014	526	15083	14555
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	4.55E-02	2.23	46	5	3	1	1		19701	5933	17793	18447	8683	13902	8096	15048	7912	4655	1081	1034
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	4.59E-02	2.43	85	1	3	1	1		41915	25676	48667	119801	22110	109592	33162	38263	19970	21608	18826	19814
AT4G00165.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	4.72E-02	2.12	87	0	2	1	1		3384	3417	3464	8294	2602	7729	2880	2298	1362	469	2600	3999
AT3G01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	4.91E-02	2.42	35	5	2	1	1		725	1156	1135	2872	851	2905	1476	1480	531	317	116	70
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	4.98E-02	6.58	30	4	5	1	1		1217	453	2099	204	64	172	64	293	219	64	0	0

Tabelle B13-b

4-6h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT5G19100.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	2.20E-05	0.13	50	1	1	2	1		50	52	50	45	105	84	312	249	682	1085	381	344
AT3G44310.1	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	1.93E-04	0.38	67	2	3	1	1		3183	1471	1919	2114	2902	2704	6022	5382	4361	4897	9789	7337
AT3G05340.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.56E-04	0.42	21	2	1	1	1		472	706	726	503	1421	820	1925	1574	2422	1256	2208	1722
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	6.77E-04	0.30	26	1	2	1	1		915	1698	1693	2230	2133	2452	3705	4051	3443	8840	7940	9498
AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.15E-03	0.46	199	9	1	2	2		48082	101762	40916	53981	89293	54246	103174	97801	166924	175618	153445	144860
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	1.21E-03	0.34	111	8	5	3	3	AT3G11130.1	2685	7451	2158	3066	7438	1651	9240	10681	12483	9268	15931	14621
AT5G28500.1	unknown protein	1.78E-03	0.47	171	2	1	3	3		33636	59216	27664	21560	46616	21585	61258	51646	91417	86316	83572	72891
AT3G26410.1	TRM11, AtTRM11 - methyltransferases;nucleic acid binding	1.93E-03	0.41	26	0	1	1	1		20734	31028	14625	11794	30518	11027	31916	31789	49523	62316	58397	58503
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	2.24E-03	0.19	70	3	2	1	1		276	543	150	377	975	335	982	633	4459	2631	3164	1975
AT4G35450.5	AKR2 - ankyrin repeat-containing protein 2	2.42E-03	0.00	36	1	2	1	1	AT4G35450.4;AT4G35450.1	0	0	0	0	0	0	99	36	1537	1513	0	26
ATCG00490.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	2.70E-03	0.30	269	2	2	3	3		16639	37296	13925	12111	31386	11163	38167	28027	126459	80274	80903	59462
AT3G18140.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.90E-03	0.39	25	2	1	1	1		13458	34266	13220	7618	17735	10618	24581	22303	48946	58090	51533	42117
AT3G04770.2	RPSAb - 40s ribosomal protein SA B	4.56E-03	0.45	55	1	1	1	1		776	2907	927	1149	1919	1262	2337	2076	3044	3728	4067	4428
AT3G14850.2	TBL41 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 41	4.62E-03	0.43	22	1	0	1	1		29430	89268	32443	20416	68501	22998	74175	68537	100909	130657	126176	114833
AT3G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.74E-03	0.39	144	0	2	2	2	AT3G14420.1	4932	13921	5070	6402	16423	5237	14973	11888	21961	19463	35920	28798
AT1G12900.1	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	4.81E-03	0.29	43	1	1	1	1	AT1G12900.2;AT3G26650.1	426	300	258	431	3407	2547	6724	4524	4235	3509	3917	2335
AT2G35550.1	BPC7, BBR, ATBPC7 - basic pentacysteine 7	5.57E-03	0.44	22	1	1	1	1		613	528	274	538	887	564	789	751	1330	1097	2174	1571
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	5.60E-03	0.37	33	1	2	1	1		2338	5262	2584	2020	4681	3505	4607	3993	8323	11875	12779	13546
AT3G15730.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	5.89E-03	0.46	24	2	3	1	1		1407	3046	1611	1995	4141	1222	3767	2532	5311	6059	5654	6020
AT2G40510.1	Ribosomal protein S26e family protein	6.15E-03	0.39	44	0	2	1	1		292	336	375	551	319	614	735	726	1946	1725	648	591
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	6.47E-03	0.35	654	2	7	9	8		452168	928996	440106	180531	889960	159130	924742	858945	2223599	2181484	1329986	1245061
AT1G09130.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	6.54E-03	0.40	70	4	1	1	1		1453	3564	1549	1824	5944	1099	3504	4376	6704	5786	8896	9369
AT5G09390.1	CD2-binding protein-related	7.09E-03	0.43	41	0	0	1	1		1490	3454	1219	1324	3115	1243	5128	3052	7227	6213	3041	2799
AT1G60940.1	SNRK2-10, SNRK2.10, SRK2B - SNF1-related protein kinase 2.10	7.18E-03	0.44	47	1	3	1	1		28473	73839	25781	17887	64142	15512	71004	55205	103655	118828	82955	79402
AT2G18410.1	unknown protein	7.31E-03	0.49	97	3	1	1	1		2171	3889	1963	2115	1395	1521	2665	3141	3732	4934	4515	7664
AT4G38970.1	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	7.91E-03	0.38	148	2	2	3	3	AT2G21330.1;AT4G38970.2	9658	10316	10365	2879	12981	3378	14034	11222	25372	18506	33582	28726
AT1G51980.1	Insulinase (Peptidase family M16) protein	8.73E-03	0.23	61	2	2	1	1	AT3G16480.1	286	510	278	43	1071	20	1081	758	2155	1498	2442	1658
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	8.74E-03	0.48	64	0	0	1	1		3956	8322	4379	2414	8804	3265	7609	7269	9524	10559	15944	14037
AT4G00450.1	CRP, CCT - RNA polymerase II transcription mediators	9.16E-03	0.48	38	12	5	3	3		1429	2612	1262	791	1567	567	2208	1689	4102	3328	2906	3038
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	9.34E-03	0.44	36	3	3	1	1	AT1G74040.1	2905	8012	3012	4006	8455	3635	11084	7626	20867	13581	7263	7485
AT5G20300.1	Avirulence induced gene (AIG1) family protein	9.44E-03	0.46	28	0	1	1	1		10776	17164	10676	9871	20988	10312	15464	15270	26902	30035	45756	39646
AT2G17150.1	Plant regulator RWP-RK family protein	9.51E-03	0.46	28	6	3	1	1		20133	35484	16743	7419	34176	9135	39609	30251	42008	63752	40738	50771
AT4G31720.1	TAFII15, TAF10, STG1 - TBP-associated factor II 15	9.69E-03	0.45	48	1	1	2	2		100877	214761	96349	33917	187428	51463	211232	191489	268767	337625	250311	246007
AT5G17850.1	Sodium/calcium exchanger family protein	1.02E-02	0.37	25	2	1	1	1		30228	51231	27735	15173	43160	13887	45676	32456	138416	70114	103085	94639
AT2G17240.1	unknown protein	1.04E-02	0.43	110	2	1	2	2		15122	22075	15414	6231	20729	5228	25205	25243	52944	45513	25870	22036
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	1.06E-02	0.26	111	1	5	2	2		46297	65188	37165	13884	61577	8731	64698	62378	289911	264420	98740	102232
ATCG01160.1	SDH, subunit of succinate dehydrogenase	1.12E-02	0.29	174	0	0	2	2		148368	214019	134503	97482	227213	79680	189810	160767	407857	529277	466220	392837
AT1G01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	1.12E-02	0.29	91	1	1	1	1		522	2701	409	442	1128	486	997	1280	3489	2790	5547	5297
AT3G08947.1	ARM repeat superfamily protein	1.23E-02	0.32	97	7	0	1	1		2981	10744	3450	2997	8153	1613	7382	5370	25237	26350	15343	13554
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	1.23E-02	0.20	151	0	2	2	2		1290	876	1513	279	3275	467	2323	1989	20597	6171	4892	2630
AT3G18240.1	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	1.25E-02	0.00	25	5	0	1	1	AT4G21460.1	0	0	0	0	0	0	0	0	966	1959	175	128
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.27E-02	0.19	54	6	1	1	1		1315	472	1015	452	1217	681	3406	2815	15681	3146	1289	1050
AT5G66190.1	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	1.29E-02	0.44	97	1	0	2	2		5090	17005	5562	2995	14172	2830	11544	11447	17344	23894	24277	20975
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	1.31E-02	0.31	38	5	4	1	1		339	1881	380	440	1311	437	974	1271	3713	5277	2615	1395
AT5G51760.1	AHG1 - Protein phosphatase 2C family protein	1.31E-02	0.12	25	1	1	1	1		20746	31015	17804	2800	23360	2067	73412	44229	316519	297707	30555	25677
AT2G33770.1	UBC24, ATUBC24, PHO2 - phosphate 2	1.33E-02	0.33	24	0	2	1	1		5693	5503	3854	3713	6840	2177	5247	4508	19427	13848	20388	21854
AT5G56030.1	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	1.38E-02	0.49	87	2	0	2	1	AT5G56000.1	3302	12205	3297	5245	16349	6514	14502	11060	18974	22401	16360	12366
AT3G44620.1	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	1.41E-02	0.06	40	1	1	1	1		111	9	0	272	0	0	265	408	2323	3312	46	51
AT2G47810.1	NF-YB5 - nuclear factor Y, subunit B5	1.42E-02	0.35	68	1	0	1	1		2785	3347	1891	854	3753	822	3610	2593	13436	8420	5439	5308
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	1.42E-02	0.21	84	3	7	2	1		1118	323	1078	189	1013	358	467	1253	4517	6269	3767	3483
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	1.42E-02	0.42	146	0	0	2	1		61848	105965	69514	46395	117798	35872	97160	73121	196774	317136	194544	170413
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	1.45E-02	0.41	511	0	0	11	7	AT2G39730.2	35326	66740	31666	27783	58252	27986	45330	42281	106156	104386	156914	151029
AT5G35360.1	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	1.46E-02	0.23	115	2	0	2	2	AT5G35360.3	1471	2987	1040	2185	1970	860	2531	1294	12965	12093	6746	9329
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	1.49E-02	0.45	75	0	1	1	1		4484	11615	2941	3740	8342	2963	7532	6255	13913	12540	20627	15586
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	1.55E-02	0.39	610	0	1	6	6		403724	689114	350872	226478	556418	154340	476485	427313	1341882	1627601	1138361	1029444
AT3G54890.1	LHCA1 - photosystem I light harvesting complex gene 1	1.57E-02	0.00	39	0	0	1	1		0	0	0	0	0	0	207	47	4133	1227	0	0
AT1G49240.1	ACT8 - actin 8	1.57E-02	0.49	33	1	0	1	1		238	235	336	157	455	243	462	355	1199	567	429	396
AT3G51310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	1.59E-02	0.15	68	1	1	1	1		0	548	8	0	858	105	566	383	1739	1303	3135	2772
AT5G28850.2	Calcium-binding EF-hand family protein	1.59E-02	0.40	39	2	1	1	1	AT5G28850.1	846	3623	1688	1176	3333	648	2924	2105	4240	4423	7885	6605
AT3G63460.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.67E-02	0.49	52	4	6	1	1		35864	35737	51415	16578	74878	18213	122386	105470	66749	64597	61328	50799
AT1G06190.1	Rho termination factor	1.68E-02	0.43	44	4	0	1	1		2005	1296	2696	2314	2118	2028	5542	3484	8193	7293	2157	2298
AT5G40670.1	PQ-loop repeat family protein / transmembrane family protein	1.69E-02	0.41	21	2	0	1	1		24287	45480	30867	5799	45196	7882	61569	69201	88436	85524	43116	39984
AT2G19120.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.71E-02	0.45	33	1	5	1	1		7675	15713	6857	1611	16926	3390	24954	13811	18550	19630	20061	19546
AT1G10940.1	ASK1, SNRK2-4, SNRK2.4, SRK2A - Protein kinase superfamily protein	1.77E-02	0.49	54	1	3	1	1	AT1G10940.2	11692	31502	15080	12367	28543	6876	27338	23845	49625	57668	32025	26076
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.77E-02	0.34	56	12	0	1	1		714	8892	1477	5983	8085	2829	9225	5498	21150	21446	13017	11683
AT1G64330.1	myosin heavy chain-related	1.78E-02	0.48	29	0	0	1	1		8443	12053	7912	2592	10904	2716	14255	9891	15630	25058	14418	14019
AT3G58090.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	1.80E-02	0.42	20	0	0	1	1		3103	3281	3224	1404	2905	1987	2782	2955	8947	4491	10010	8457
AT4G27870.1	Vacuolar iron transporter (VIT) family protein	1.83E-02	0.48	52	2	3	1	1		5385	7768	5515	1560	7389	1194	8896	8885	11647	12192	9203	9419
AT4G35300.1	TMT2 - tonoplast monosaccharide transporter2	1.85E-02	0.40	54	4	1	1	1		5413	12259	5556	4846	9783	3517	6581	7254	21318	21796	22928	23856
AT5G42270.1	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	1.88E-02	0.46	25	2	2	1	1		282	470	205	296	659	247	747	751	340	489	1412	912
AT3G08580.1	AAC1 - ADP/ATP carrier 1	1.91E-02	0.47	188	1	1	1	1		7854	31404	7436	11625	23145	6325	20021	15610	39477	34431	41896	34552
AT3G06550.1	O-acetyltransferase family protein	1.92E-02	0.32	26	5	1	1	1		861	2670	855	95	2263	203	3005	2234	4516	6977	2454	2331
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	1.92E-02	0.03	29	9	1	1	1		0	41	0	74	58	1	43	180	3140	3034	86	27
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	2.04E-02	0.29	147	2	0	2	2		3259	5438	1278	995	2719	1439	2692	2670	5270	12344	15204	13804
AT4G33200.1	XI-I, ATXI-I, XI-15 - myosin, putative	2.07E-02	0.41	24	7	2	1	1		3396	4701	2130	3025	4830	2523	3404	3386	12770	14156	9130	7761
AT3G02090.1	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	2.08E-02	0.21	47	4	1	1	1		268	490	343	141	769	49	779	334	656	1072	3352	3729
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	2.14E-02	0.25	77	0	1	1	1		7260	24329	2894	841	19508	1406	27753	23910	74231	70746	12466	11760
AT3G11930.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.15E-02	0.20	24	1	0	1	1		0	192	0	0	395	255	226	245	804	1026	744	1147
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.18E-02	0.21	49	3	0	1	1		838	1656	957	998	1824	486	2719	2520	9642	14215	1472	1291
AT1G56340.2	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	2.24E-02	0.24	38	0	1	1	1	AT1G56340.1	2044	7455	2361	707	8322	809	3753	2929	18977	26278	21017	18430
AT1G11990.1	O-fucosyltransferase family protein	2.29E-02	0.44	21	3	2	1	1		12834	48424	12328	7026	39735	6149	23223	27916	53998	67283	57800	58455
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	2.31E-02	0.45	86	3	3	1	1		1509	2102	1519	2007	2523	1412	1673	1738	6205	5137	5445	4435
AT1G20620.1	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	2.41E-02	0.39	49	1	3	1	1		19010	30386	16608	17242	30329	10488	20658	19477	52930	51999	85285	88098
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	2.42E-02	0.29	169	0	1	1	1		18485	71168	17266	2348	67047	3131	55327	57606	204844	193745	57463	51058
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	2.47E-02	0.40	222	0	3	2	2	AT1G20260.1	22811	48889	19802	16982	45132	15601	32010	29200	55992	58361	125826	121986
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	2.50E-02	0.40	46	1	2	1	1		956	402	751	605	2231	1661	4461	2988	3816	945	2730	1417
ATCG01110.1	Glutamine:fructose-6-phosphate aminotransferase/translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	2.75E-02	0.45	71	0	0	1	1		19000	14923	15640	2105	12739	3944	24175	21507	20444	29246	13408	13093
AT3G11460.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.58E-02	0.07	22	1	1	1	1		398	313	149	109	78	43	486	370	6425	7513	201	378
AT4G35410.2	Clathrin adaptor complex small chain family protein	2.63E-02	0.47	37	1	0	1	1	AT2G17380.1	6587	8619	6104	3320	8105	3046	7721	7914	19503	23441	8298	8882
AT1G06030.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	2.65E-02	0.41	21	1	0	1	1		6865	18756	5703	803	14277	1429	15294	13520	22061	26775	21686	15985
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	2.66E-02	0.29	136	6	6	2	2	AT1G62020.1	10094	20934	7005	12998	12561	10981	9483	11257	63250	62706	56476	53736

AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	2.66E-02	0.45	57	0	0	1	1		92959	137414	87254	16502	100623	11746	147985	119393	201663	179548	191901	158325
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	2.72E-02	0.19	22	5	2	1	1		0	0	0	0	310	0	38	0	322	125	889	291
AT3G60750.1	Transketolase	2.72E-02	0.42	62	3	6	2	2	AT2G45290.1	6077	6581	5327	2121	6594	2160	7739	4703	8725	8104	22939	16310
AT1G20020.1	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	2.83E-02	0.42	40	0	2	1	1	AT1G20020.3	572	2234	572	1051	1675	254	1217	1137	2601	3853	3384	2827
AT5G10460.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	2.85E-02	0.16	43	1	0	2	1		2553	2132	2871	902	2045	1043	3453	3305	28917	28831	2919	2754
AT5G06700.1	TBR - Plant protein of unknown function (DUF828)	2.92E-02	0.27	22	8	5	1	1		569	2018	1538	311	2491	172	1511	860	4593	4924	8039	6094
AT1G56240.1	AtPP2-B13, PP2-B13 - phloem protein 2-B13	3.02E-02	0.44	20	2	0	1	1		27880	23066	30653	3820	26497	4077	33354	36471	50425	78177	33392	34000
AT2G38230.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	3.17E-02	0.47	32	1	1	1	1		2182	1860	907	929	2884	339	1579	2151	3628	2999	4555	4645
AT5G62910.1	RING/U-box superfamily protein	3.21E-02	0.45	26	1	0	1	1		339	607	352	356	1586	1223	2437	1549	2766	1611	837	728
AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	3.22E-02	0.13	78	6	5	1	1		136	222	1013	216	811	316	410	1162	10794	7560	625	981
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	3.25E-02	0.01	22	4	1	1	1		33	0	90	0	129	57	218	209	18252	12480	35	83
AT1G14850.1	NUP155 - nucleoporin 155	3.27E-02	0.45	50	14	2	2	2		354	175	207	46	734	159	494	309	1091	801	569	453
AT5G58870.1	fsh9 - FTSH protease 9	3.28E-02	0.28	26	4	1	1	1		1354	2186	2074	53	4059	21	2994	4252	5740	8966	4580	8030
AT2G47910.1	60S acidic ribosomal protein family	3.28E-02	0.13	26	0	0	1	1		719	592	453	79	699	91	758	726	6828	7900	597	2007
AT5G54380.1	THE1 - protein kinase family protein	3.29E-02	0.42	20	4	1	1	1		8588	15014	8714	3192	12387	2039	11416	8109	36449	23339	17298	21816
AT4G24190.1	SHD, HSP90.7, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	3.30E-02	0.47	32	3	1	1	1		262	1045	94	268	1209	347	1447	941	1959	940	771	762
AT5G49020.1	ATPRMT4A, PRMT4A - protein arginine methyltransferase 4A	3.31E-02	0.38	93	3	1	2	1	AT5G49020.2	396	1382	178	335	481	41	696	430	1372	1340	1834	1725
AT2G44710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.33E-02	0.50	31	3	2	1	1		2814	1838	2493	4534	1338	3873	5627	3489	7441	10806	3312	3360
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	3.44E-02	0.09	65	1	2	1	1		681	800	765	298	879	399	3347	4011	16821	17372	610	389
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	3.44E-02	0.04	34	3	0	1	1	AT1G14410.1	117	25	49	116	156	0	52	204	5530	5513	650	200
AT3G44110.1	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	3.56E-02	0.39	109	2	0	2	2		34387	71689	28615	8804	64467	6551	39282	37861	118158	152349	104267	93572
AT5G53170.1	FTSH11 - FTSH protease 11	3.71E-02	0.48	26	2	2	1	1		2049	14560	2521	3439	10123	2516	4948	7272	17851	13079	15202	15333
AT2G15980.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.74E-02	0.45	26	3	1	1	1		2508	238	1864	2147	1760	1104	1461	3856	5110	4373	3435	3352
AT3G01870.1	Plant protein of unknown function (DUF946)	3.74E-02	0.47	26	2	0	1	1		921	975	1131	431	1106	445	862	782	2038	3201	2267	1454
AT1G59760.1	RNA helicase, ATP-dependent, SK12/DOB1 protein	3.76E-02	0.38	24	2	2	1	1		26686	39453	29110	824	31237	2685	63658	55087	42262	77245	50342	54022
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	3.81E-02	0.38	81	4	1	2	2		24653	24201	23122	7954	27219	5124	18733	16081	82775	69479	55059	55563
AT5G17920.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	3.82E-02	0.17	96	2	0	2	1		181	403	138	137	891	74	222	224	1409	1149	1654	6088
AT3G48600.1	SWIB complex BAF60b domain-containing protein	3.86E-02	0.47	22	1	0	1	1		928	1564	1049	143	1840	667	3245	2128	1964	1604	2989	1295
AT5G37990.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	3.87E-02	0.03	22	2	0	1	1		396	111	504	5	332	0	2817	2048	24121	15488	135	109
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	3.90E-02	0.35	98	2	0	1	1		103803	159431	87766	47905	155402	34928	92539	94789	221082	223512	549739	494285
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	4.14E-02	0.40	47	3	2	1	1		6584	12508	6960	1113	14323	1223	7804	7525	19258	19822	26709	26713
AT3G01500.2	CA1 - carbonic anhydrase 1	4.16E-02	0.04	29	2	0	1	1		575	494	472	212	884	208	1789	5514	35638	20154	308	361
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	4.17E-02	0.44	21	2	2	1	1		2285	799	1844	4159	1318	2218	2856	5370	8708	7567	2184	2199
AT3G50770.1	CML41 - calmodulin-like 41	4.24E-02	0.40	49	2	1	1	1		1826	3562	2011	190	3815	274	3393	2991	7976	8465	3253	3275
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	4.26E-02	0.31	23	3	2	1	1		1457	2028	1887	336	2759	338	1395	1124	8079	7337	5791	4481
AT5G59730.2	ATEXO70H7, EXO70H7 - exocyst subunit exo70 family protein H7	4.35E-02	0.33	31	4	4	1	1		6636	3354	4742	501	5832	532	7419	5430	20936	20290	3195	8453
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	4.39E-02	0.44	94	16	4	2	1		20426	29443	15897	1595	28969	1868	31325	26716	46698	53648	32363	30133
AT3G20350.1	unknown protein	4.43E-02	0.21	23	5	1	1	1		286	1576	209	0	1162	0	898	606	4792	5142	2028	2240
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	4.79E-02	0.16	33	0	2	1	1		85	190	108	328	138	124	192	209	3057	2282	264	247
AT3G53340.1	NF-YB10 - nuclear factor Y, subunit B10	4.79E-02	0.35	28	1	0	1	1		139	193	119	155	142	64	117	127	201	815	517	557
AT2G42590.2	GRP9, PT14 MIF - prenatal regulatory factor 9	4.85E-03	0.35	86	0	0	2	2	AT2G42590.1	531	1544	166	204	1027	190	550	402	3422	1711	2514	2040
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	4.88E-02	0.22	72	0	1	1	1		1284	0	403	0	1115	0	547	3097	7576	1187	401	211
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	4.90E-02	0.47	22	3	3	1	1		1746	2907	1594	1251	1787	1433	2111	2348	1567	3067	6985	6587

Tabelle B13-c

Summe aller Proteine aus den Phosphoproteinanreicherungen von Col-0 DD und KR nach 4-6h DEX

							Normalized abundance											
							DD						KR					
Proteincode		Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G21130.2;AT1G21110.1	O-methyltransferase family protein	1.62E-09	13.60	70	1	1	4275	6169	4647	5562	5848	5657	569	328	417	355	252	444
AT1G07000.1	ATEXO70B2, EXO70B2 - exocyst subunit exo70 family protein B2	8.44E-07	2.25	75	1	1	5457	5070	6069	4893	5383	5038	2609	2660	2381	2532	2294	1677
AT4G32285.1;AT2G25430.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	1.24E-06	2.80	290	4	3	25977	23911	32941	24282	31899	34078	12228	13331	8461	9416	8739	9558
AT5G52650.1;AT4G25740.2	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	1.35E-06	1.56	273	3	3	230116	243270	225966	208796	270838	252518	145894	155687	144381	166368	157252	146568
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	1.56E-06	2.72	70	1	1	59010	60621	53249	52831	58057	61018	14657	18333	18904	20443	25626	28652
AT4G35450.1;AT4G35450.4	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	6.20E-06	1.41	266	5	5	194653	188354	227274	184209	199841	180366	129741	144339	141366	130976	141203	145927
AT5G46290.1;AT5G46290.2	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	1.80E-05	1.38	747	13	13	447644	452486	536377	506636	470856	469151	354415	354160	325801	317759	393183	350224
AT4G14400.2;AT4G14400.1	ACD6 - ankyrin repeat family protein	2.13E-05	10.47	50	1	1	4395	3314	6240	6288	2579	4608	353	367	95	669	735	399
AT1G80070.1;AT4G38780.1	SUS2, EMB33, EMB177, EMB14 - Pre-mRNA-processing-splicing factor	3.30E-05	2.11	151	4	3	8815	8617	7953	7435	11108	11804	5176	5097	4393	3167	4194	4442
AT3G04180.1	RmlC-like cupins superfamily protein	3.40E-05	3.48	26	1	1	6632	6741	7342	5841	5037	5446	2377	2748	1280	1220	2080	928
AT1G19350.3;AT1G19350.1	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	6.45E-05	1.89	41	1	1	13326	14818	12809	12526	9126	8964	23795	21052	24640	25433	21830	18315
AT1G06400.1	ARA2, ATRAB1A, ATRAB11E, ARA-2 - Ras-related small GTP-binding family protein	7.29E-05	1.37	214	3	2	10932	11285	13073	11661	12729	13744	9904	8283	8462	9274	8273	9440
AT3G25150.2;AT3G25150.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	7.84E-05	1.56	55	2	1	34725	39196	26723	30536	29786	28773	17305	20000	21288	19497	21391	22539
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	7.93E-05	24.47	51	1	1	18653	21598	8744	7819	7718	6712	381	658	1173	557	103	40
AT4G35300.2	TMT2 - tonoplast monosaccharide transporter2	8.91E-05	1.28	116	3	3	109502	104181	112830	108018	104081	100826	126507	125518	148886	153841	133713	130484
AT3G28380.1	PGP17 - P-glycoprotein 17	1.18E-04	1.58	27	1	1	16086	14530	17833	15774	20870	12442	26111	26847	23963	24723	28341	24060
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	1.26E-04	1.53	1972	25	5	1376799	1354495	1625925	1306137	1341078	1322755	1016256	1052209	696746	811605	976476	879630
AT5G04110.1	GYRB3 - DNA GYRASE B3	1.45E-04	1.96	29	1	1	16128	13420	16282	13910	15058	12602	9983	9133	7428	7521	5175	5364
ATCG00170.1	RPOC2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	1.49E-04	2.58	49	1	1	1398	1516	1053	1355	871	1123	667	559	441	576	312	286
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	1.72E-04	1.88	26	1	1	15826	14907	11159	10262	15333	15911	6838	9599	5950	7929	7932	6144
AT5G10470.1;AT5G65460.1	KCA1, KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	1.77E-04	1.42	530	9	9	183389	171257	154686	149158	183883	174923	113396	114867	102055	111116	136254	138700
AT5G60980.2;AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	1.88E-04	1.51	79	2	2	60928	58722	47952	45200	62454	64250	41541	40432	34032	39433	35430	34250
AT3G10950.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	1.92E-04	2.77	43	1	1	1832	2227	2752	2177	4127	3734	879	869	1608	1177	747	795
AT4G22690.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	2.01E-04	1.59	274	6	6	37663	40203	58874	46400	53209	44773	34478	30979	27130	25936	29661	28938
AT5G11040.1	TRS120, AtTRS120 - TRS120	2.02E-04	1.42	304	5	5	33354	32854	36011	34804	38507	39914	23718	31413	21513	23123	24709	26841
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	2.06E-04	1.54	161	3	3	75846	76146	85540	87356	81367	92435	101413	106428	133353	156332	132618	137783
AT5G54690.1	GAUT12, LGT6, IRX8 - galacturonosyltransferase 12	2.67E-04	1.39	43	2	1	14786	15250	19385	16676	14940	14744	20802	21561	19338	21817	24790	25126
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	3.17E-04	5.06	55	2	2	757	1458	1344	1861	1488	2069	3058	3397	8749	14375	6891	8985
AT1G07110.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	3.45E-04	1.20	714	9	8	401309	411522	432782	372222	358039	384327	307344	324022	315793	348346	329953	341307
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	3.45E-04	1.67	1496	19	19	887942	858812	634799	638080	962861	850436	484200	507884	565971	538712	383260	406681
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	3.58E-04	1.35	688	11	11	239512	234157	261615	205345	238515	223351	166689	176659	140202	170173	190586	192915
AT1G72390.1	unknown protein	4.43E-04	4.25	24	1	1	6588	5547	5560	3143	2278	1677	1391	699	782	1008	1354	595
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	4.70E-04	1.60	114	2	2	11675	11212	14578	9771	14668	11416	7721	9187	8467	7699	6937	5825
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	4.99E-04	1.58	48	1	1	12412	10349	8326	7779	10791	9993	6114	7345	5145	5610	6331	7154
AT2G47110.1;AT2G36170.1;AT3G09790.1	UBQ6 - ubiquitin 6	5.15E-04	1.44	117	1	1	46046	48403	48001	44551	47485	44498	29436	35143	25864	26956	36320	40368
ATCG00190.1	RPOB - RNA polymerase subunit beta	5.36E-04	1.69	66	1	1	11574	9419	13540	12782	16969	17011	7790	7199	8171	9533	7360	8017
AT3G44340.1	CEF - clone eighty-four	5.68E-04	1.88	165	4	2	8682	10020	9771	10486	9155	10400	6858	6913	5516	5062	3240	3554
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	5.92E-04	1.58	1452	18	3	115705	112428	169894	115035	110067	97263	76042	74025	62548	73795	86236	84107
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	6.86E-04	1.18	511	11	11	347200	333317	362846	330817	335382	345352	300072	284663	264866	270154	310198	318773
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	8.03E-04	1.32	645	11	11	252173	246009	308267	275080	330710	293956	228375	231254	184188	205520	222655	217736
AT5G11770.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 20 kDa subunit, mitochondrial	1.09E-03	1.65	36	1	1	3321	3333	3741	3998	4237	4068	2893	2579	2623	1480	2426	1769
AT5G51120.1;AT5G51120.2;AT5G51120.3	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	1.13E-03	2.34	151	4	4	154521	137330	111886	96225	242041	179651	69529	70675	57114	36461	65134	94828
AT1G66080.1	unknown protein	1.15E-03	1.61	66	1	1	3893	5571	3163	3005	3607	4137	2620	2676	2162	2142	2737	2182
AT2G32240.1	unknown protein	1.19E-03	2.28	22	1	1	6954	8173	4053	5010	5604	6308	3215	2291	1380	1838	2833	4257
AT5G19220.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	1.33E-03	1.32	323	6	5	44080	44973	46767	42744	39409	40889	54823	50256	55787	48363	64892	68802
AT4G34490.1	ATCAP1, CAP 1, CAP1 - cyclase associated protein 1	1.39E-03	1.94	76	2	2	8907	8532	9464	5946	12296	12377	6197	6610	3519	4128	5062	4196
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	1.44E-03	1.54	164	3	3	439375	444725	701762	517436	438035	483592	284434	295024	308376	283786	400326	390953
AT1G33680.1	KH domain-containing protein	1.60E-03	1.68	225	4	3	16788	16131	15361	10422	19823	22107	10639	10466	8033	10727	10720	9387
AT3G05910.1	Pectinacetylesterase family protein	2.14E-03	1.66	179	2	2	20638	15151	14389	10154	19362	14331	11239	10315	10269	7726	8527	8665
AT1G69120.1	AP1, AGL7 - K-box region and MADS-box transcription factor family protein	2.14E-03	1.42	27	1	1	15280	14935	20698	21436	12942	16074	24095	26792	20976	25990	22361	23806
AT1G64330.1	myosin heavy chain-related	2.15E-03	1.31	341	5	5	95679	87961	87063	84575	80486	75293	101738	94303	117688	139401	108785	107020
AT2G20790.1;AT2G20790.2	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	2.16E-03	1.31	190	4	4	131478	129694	160833	132529	119505	142515	182163	166092	176110	221667	155830	166108
AT3G17390.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	2.28E-03	1.52	362	4	3	270001	238388	198865	215629	215005	184980	134854	132873	114094	115050	186002	187770
AT3G16630.1	ATKINESIN-13A, KINESIN-13A - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.28E-03	2.12	22	1	1	1829	1677	1668	2379	2563	1662	846	644	874	1868	465	861
AT5G12250.1	TUB6 - beta-6 tubulin	2.35E-03	1.50	1381	21	2	320812	319653	302353	254802	270918	248822	225226	243363	142190	142010	185812	205190
AT4G28470.1	RPN1B, ATRPN1B - 26S proteasome regulatory subunit S2 1B	2.36E-03	1.30	329	7	4	15828	16864	19723	16947	21259	18173	14818	16489	11992	12822	13112	14454
AT5G24370.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	2.57E-03	3.18	22	1	1	2271	1427	2426	3047	1059	668	632	426	416	714	845	392
AT4G13520.1	SMAP1 - small acidic protein 1	2.70E-03	1.52	74	1	1	146811	152165	141643	119523	119726	121186	212523	206927	210127	281254	156375	153979
AT3G19895.1	RING/U-box superfamily protein	2.85E-03	3.43	21	1	1	12820	16149	4959	4458	8894	8667	4731	5370	1224	1337	1925	1702
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	2.86E-03	1.40	154	2	2	19004	22692	18203	18164	19169	19027	18344	15530	9984	12742	13167	13115
AT2G26340.1;AT2G26340.2	unknown protein	2.94E-03	1.25	51	1	1	8424	9586	10372	9912	9836	8757	6706	7879	6589	8949	8098	7250
AT1G13360.1	unknown protein	2.94E-03	1.67	164	3	3	28274	28471	38504	28710	29427	30216	47243	48341	68770	69322	38315	35535
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation factor 3A	2.96E-03	1.49	403	5	5	164529	155814	217467	161180	152508	152899	103012	106980	80785	101949	145985	137334
AT2G17680.1	Arabidopsis protein of unknown function (DUF241)	3.03E-03	1.75	21	1	1	11405	12571	6371	8826	7395	7131	6323	5819	4262	3726	4584	5910
AT5G60380.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	3.03E-03	1.57	22	1	1	2787	2811	3282	2460	2411	3005	2248	1561	1860	1595	1088	2293
AT1G03630.1	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	3.17E-03	1.26	192	4	4	96344	103214	124920	117511	93776	87173	80710	82317	81791	83218	84509	83692
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	3.37E-03	1.58	1832	29	27	2268478	2277002	2896016	2796530	2323190	2112809	2974669	2852455	5037334	5052771	3620426	3574273
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGSL1 - glutamine synthetase 2	3.41E-03	1.59	617	11	9	398724	365110	609919	540014	308642	265666	677869	622331	637554	720811	672451	625913
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	3.50E-03	1.77	121	2	1	15171	15754	28213	18720	14157	14575	25714	20647	33815	44477	33874	30204
AT3G09840.1;AT3G53230.1;AT5G03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	3.70E-03	1.49	263	5	5	36958	35076	40450	27355	23598	23514	19504	19733	19833	21217	23536	21278
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	3.72E-03	1.88	151	2	2	116553	112340	85667	74483	143459	141566	71426	66348	33448	44131	71846	71124
AT5G64270.1	splicing factor, putative	3.82E-03	2.70	27	1	1	1339	1722	3893	2535	4191	3466	1842	1082	550	615	1299	959
AT4G17740.2	Peptidase S41 family protein	3.96E-03	2.31	20	1	1	5416	2664	2231	2325	1732	1410	2823	6192	6409	6413	7570	7080
AT3G08710.1	ATH9, TRX H9, TH9 - thioredoxin H-type 9	3.97E-03	1.82	52	1	1	3187	2949	3772	4855	4005	3359	2650	2686	1239	1140	2096	2350
AT2G13900.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	4.22E-03	2.91	25	1	1	2406	1697	1612	1899	3477	4020	905	587	243	534	1054	1867
AT5G42930.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.41E-03	1.71	25	1	1	90980	88813	82823	72279	110284	104994	55999	57662	29576	37613	68303	72437
AT3G06400.1;AT3G06400.3;AT5G18620.1	CHR11	4.59E-03	1.49	94	2	2	107816	111631	85641	67413	69482	72992	59441	64219	45899	64972	53355	58484
AT1G03080.1	kinase interacting (KIP1-like) family protein	4.78E-03	1.89	29	1	1	3614	2806	3252	3958	6369	4966	2751	2343	3041	1643	1332	2121
AT1G10760.1	SEX1, SOP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	5.35E-03	1.32	193	3	3	32014	31558	39026	34029	43772	41810	30046	29758	21885	27135	30077	29851
AT5G19850.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.37E-03	1.52	35	1	1	6164	6764	8419	7651	8558	8414	6025	7361	3382	4867	4158	4365
AT1G26340.1	B5 #6, ATCB5-A, CB5-A - cytochrome B5 isoform A	5.38E-03	1.32	118	2	2	41667	47369	50483	48567	53460	49775	38373	40430	28128	29455	41778	42190
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	5.41E-03	2.56	21	1	1	5217	7316	2909	3895	4563	6738	3831	3635	845	1439	1308	887
AT1G06410.1	ATTPS7, TPS7, ATTPSA - trehalose-phosphatase/synthase 7	5.47E-03	1.36	246	6	5	32805	34940	31300	29405	41773	48574	26840	29081	25039	28885	24979	26528
AT5G43960.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	5.60E-03	2.40	139	3	1	29844	32286	44381	26119	18721	14088	7974	6794	7697	7814	18507	20213
AT5G61040.1	unknown protein	5.60E-03	1.38	70	1	1	7076	7747	7344	5006	4811	5804	9016	8898	6960	8659	9187	9350
AT5G57870.2	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	5.84E-03	1.56	334	5	5	41836	44651	44022	38048	71159	64232	37761	37415	34780	31451	28123	25645
AT2G14720.1;AT2G14740.1;AT3G52850.1	VSR4, VSR2;1, BP80-2;1, MTV4 - vacuolar sorting receptor 4	6.04E-03	1.27	323	7	7	70265	74122	57165	58333	70856	59142	56624	59052	51408	51647	43086	45444
AT1G61250.1	SC3 - secretory carrier 3	6.22E-03	2.44	82	1	1	17315	13552	14200	10531	27683	24303	9951	12778	4292	2686	6646	7807
AT2G24020.2;AT2G24020.1;AT4G30620.1	Uncharacterised BCR, YbaB family COG0718	6.22E-03	1.26	430	8	7	38540	37953	48820	46045	56249	41839	35464	34471	37078	38029	35298	33071
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	6.23E-03	1.32	1606	29	23	985167	1017637	1131974	1093962	1457687	1440131	931380	960585	783979	825702	955991	934850
AT4G04020.1	FIB - fibrillin	6.34E-03	1.24	467	6	6	183984	182732	181924	136738	171015	182362	127069	146164	119570	156462	142976	144665

AT5G08770.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa ·	6.40E-03	1.37	26	1	1	16735	17209	25363	18702	26164	23309	16329	16954	14237	16579	14715	14023
AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.73E-03	1.23	424	6	6	917309	869569	1022592	731693	737996	702454	1013737	1029506	1001447	1068486	1018101	975849
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.77E-03	1.73	54	1	1	10110	11858	11774	6610	5635	6657	4076	5023	4393	6025	4646	6300
AT3G53340.1	NF-YB10 - nuclear factor Y, subunit B10	6.82E-03	2.13	28	1	1	214	267	380	250	474	149	316	518	507	902	663	792
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	7.08E-03	1.34	326	7	6	83480	87691	124007	106242	82714	78469	64910	68606	61502	69227	77396	79403
AT1G31330.1	PSAF - photosystem I subunit F	7.16E-03	1.51	125	2	2	34273	34500	35403	32476	23728	20073	18168	20944	15846	17427	23685	23572
AT2G34590.1;AT1G30120.1	Transketolase family protein	7.20E-03	1.57	291	4	4	111817	107126	152191	113231	86130	70909	129666	132601	200367	218127	161247	164919
AT4G04320.1;AT4G04320.2	malonyl-CoA decarboxylase family protein	7.21E-03	1.30	116	3	3	19881	19234	28940	22326	21604	24475	17873	16035	17493	21010	17464	14781
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	7.31E-03	1.26	499	4	4	3200536	3426857	4281853	3652023	3387636	3773608	3746632	4039776	4971805	5265827	4993876	4441837
AT3G19290.1	ABF4, AREB2 - ABRE binding factor 4	7.40E-03	1.87	50	1	1	7480	8971	6304	4965	5971	4675	6247	4487	2761	1905	2437	2653
AT5G18230.1	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	7.49E-03	1.20	119	2	2	95711	98695	104702	87338	84793	72646	116216	110045	107549	114662	102757	103569
AT4G34480.1	O-Glycosyl hydrolases family 17 protein	7.56E-03	1.69	26	1	1	3548	3708	6371	4640	5760	4931	2409	3215	4106	2244	3460	1694
AT3G61440.1;AT3G61440.2	ATCYSC1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	8.07E-03	1.60	70	2	2	2326	2753	2842	2902	1314	2195	3517	3876	3186	2899	4660	4806
AT4G15802.1	HSBP, ATHSBP - heat shock factor binding protein	8.24E-03	1.85	41	1	1	10154	11629	5466	7507	13762	11061	7604	5614	6849	3399	4244	4499
AT4G36250.1	ALDH3F1 - aldehyde dehydrogenase 3F1	8.26E-03	1.44	123	3	3	10458	11724	11453	12282	15293	15705	9609	10286	6016	7245	10779	9341
AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.35E-03	1.14	173	4	4	26356	24069	27759	29381	27831	28324	27915	30627	31708	33831	29955	32067
AT4G31490.1;AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	8.41E-03	1.24	1360	19	19	490458	500357	687844	599757	587828	570813	486251	488361	379398	448760	484517	481938
AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family protein	8.57E-03	1.28	597	8	4	302555	293254	224284	229935	204185	283285	190083	212927	182842	207201	199409	211870
AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family protein	9.20E-03	1.52	110	1	1	32287	22854	28037	26680	21290	19751	29513	32156	40410	57885	36808	31989
AT3G01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	9.27E-03	1.91	110	3	3	28315	32808	45962	38166	49741	46664	36926	31729	10488	11481	17908	18259
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.51E-03	1.14	512	7	5	202386	205577	228863	209133	215146	209397	208429	208861	172865	174574	173279	174248
AT1G79280.3;AT1G79280.2	NUA - nuclear pore anchor	9.88E-03	2.42	436	11	2	128218	134402	66261	62172	112215	97468	55025	70223	52131	42526	15374	13008
AT5G39210.1	CRR7 - chlororespiratory reduction 7	1.00E-02	1.29	109	1	1	14505	12442	20280	16560	13819	16540	16726	18967	21555	22495	20535	20986
AT3G53130.1	LUT1, CYP97C1 - Cytochrome P450 superfamily protein	1.01E-02	1.40	84	2	2	9599	10325	13115	11316	15366	13236	11869	9841	6899	7683	7732	7923
AT5G18110.1	NCBP - novel cap-binding protein	1.02E-02	1.51	30	1	1	9435	8045	10795	11296	15921	14558	8758	8215	5504	8097	8411	7273
AT2G37620.1	ACT1, AAc1 - actin 1	1.02E-02	2.05	457	6	1	19933	19008	19228	16387	39028	35756	13266	15221	7134	6080	15053	16087
AT4G20940.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1.03E-02	1.97	30	1	1	2782	3579	4093	4805	2167	3112	3858	5654	11263	9116	6092	4524
AT5G64860.1	DPE1 - disproportionating enzyme	1.03E-02	2.88	22	1	1	667	804	3758	2046	640	357	2148	2251	5528	7071	4144	2653
AT3G08030.1	Protein of unknown function, DUF642	1.03E-02	1.23	22	1	1	11707	10321	12651	13047	9859	9995	9197	9818	9716	9961	7618	8447
AT3G63410.1	APG1, VTE3, IEP37, E37 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.07E-02	1.52	327	5	5	57328	43941	73647	61971	85867	76496	53390	53427	49514	38208	33707	34581
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	1.08E-02	1.22	543	7	7	311586	289505	355794	303135	281285	301579	232897	217634	288744	304582	235518	233444
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	1.10E-02	1.44	131	3	3	20398	22338	23879	23261	16112	16078	12378	12449	11754	10953	18442	18710
AT5G59730.1	ATEXO70H7, EXO70H7 - exocyst subunit exo70 family protein H7	1.10E-02	1.42	134	2	2	16234	20410	27882	22170	18515	19273	13572	13824	10267	13808	17468	18580
AT4G00450.1	CRP, CCT - RNA polymerase II transcription mediators	1.11E-02	2.09	38	1	1	1326	1170	2460	1512	683	557	1880	1586	3870	3275	2698	2781
AT4G28730.1	Glutaredoxin family protein	1.12E-02	1.46	32	1	1	4215	5242	5593	3507	5775	4971	3152	4649	2596	3098	2589	4042
AT3G27240.1	Cytochrome C1 family	1.12E-02	1.80	113	2	2	116832	100340	88583	96585	207122	183167	94353	101332	56962	52309	65646	68537
AT1G67700.1	unknown protein	1.15E-02	1.50	85	2	2	14549	15176	20353	17130	12135	10336	9364	8156	8951	8305	13778	11321
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.16E-02	1.21	347	5	5	232958	208633	248891	211395	238297	225226	231032	232228	287835	304222	291444	302737
AT3G49990.1	unknown protein; Has 1524 Blast hits to 1298 proteins in 225 species: Archae - 9; Bacteria - 84; Metazoa - 474;	1.16E-02	1.41	96	2	2	16278	15280	18484	12899	13549	14175	19177	20171	22467	31569	16886	17744
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	1.20E-02	1.17	1455	24	16	851755	836061	1008894	897683	1091881	1073792	818800	842277	774414	842694	819882	822368
AT1G64790.1;AT1G64790.2	ILA - ILITYHIA	1.26E-02	1.52	1108	20	20	149446	138024	187285	162788	289902	235777	155993	136990	125540	120866	121046	106076
AT3G04840.1;AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	1.27E-02	1.53	171	3	3	70799	72957	61507	52814	67682	73033	54532	57811	46910	48954	27480	25745
AT5G58670.1	ATPLC1, ATPLC, PLC1 - phospholipase C1	1.28E-02	1.74	50	1	1	1551	2292	2775	2946	1422	1169	4441	2529	2402	3349	4584	3885
AT1G02500.1;AT4G01850.1	SAM1, SAM-1, MAT1, AtSAM1 - S-adenosylmethionine synthetase 1	1.30E-02	1.41	214	4	3	111941	83662	79433	89661	92327	73559	55999	59769	49053	49014	66644	96822
AT5G45420.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	1.30E-02	1.48	20	1	1	8741	8883	6835	7198	9221	6096	7142	6516	5953	4721	3396	4032
AT1G15770.1	unknown protein	1.34E-02	1.84	22	1	1	6896	5874	3521	2564	2930	3083	2742	2849	2045	1743	1809	2333
AT2G45710.1;AT3G61111.1;AT5G47930.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	1.35E-02	1.21	147	3	3	35893	39897	42447	30827	39558	36776	30052	31036	30865	37840	28122	28802
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	1.36E-02	1.37	123	3	3	17516	16401	25055	20223	22314	29157	24796	27559	29366	38042	31511	27133
AT1G21630.2	Calcium-binding EF hand family protein	1.36E-02	1.20	328	9	7	113550	114640	109309	101951	107861	97644	125896	119110	144929	154079	115509	112408
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	1.39E-02	1.70	2273	35	1	4486	4952	3030	3727	5381	4893	2613	3556	1479	1354	3269	3296
AT5G24450.1	Transcription factor IIIC, subunit 5	1.40E-02	2.04	21	1	1	6386	5674	5628	3559	4411	3362	3056	2773	1035	850	3377	3140
AT1G59870.1;AT1G15210.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	1.43E-02	1.45	558	11	10	103819	117142	144709	131201	160688	142956	112284	118159	67185	58223	102445	92114
AT1G64750.1;AT1G64750.3	ATDSS1(I), DSS1(I) - deletion of SUV3 suppressor 1(I)	1.46E-02	1.45	256	3	3	136914	112936	142611	103318	200871	187363	187550	170774	199825	198010	272148	250583
AT1G11720.2;AT1G11720.1	SS3 - starch synthase 3	1.46E-02	1.16	402	10	9	110599	114708	124000	123359	111293	114494	96756	97272	82168	106191	114630	106185
AT5G66190.1	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	1.46E-02	1.23	366	5	4	33889	30083	39042	33469	32112	27064	36040	34669	36606	45137	44917	43798
AT1G22450.1	COX6B, ATCOX6B2 - cytochrome C oxidase 6B	1.49E-02	1.21	240	4	4	372796	378289	388168	350367	380168	360429	451788	442257	485219	557117	393387	369046
AT5G61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	1.49E-02	1.27	192	3	2	120500	117696	113199	117102	93509	96484	90528	93672	69965	67773	100158	97181
AT2G21620.1;AT2G21620.2	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.50E-02	1.46	106	2	2	17789	17245	12636	9951	19959	18951	11366	10672	8878	11597	11415	12266
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.54E-02	1.70	75	1	1	4248	4387	8023	7152	4607	4649	7555	5954	13755	12713	7144	8960
AT3G58090.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	1.57E-02	2.55	20	1	1	2470	2622	2899	2439	1098	1697	2578	2330	8107	3917	9094	7758
AT1G27450.1;AT1G80050.1	APT1, ATAPT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	1.58E-02	1.43	83	2	1	1340	1670	2417	2526	1939	1845	2310	2428	2223	3560	3114	3103
AT3G10360.1	APUM4, PUM4 - pumilio 4	1.59E-02	1.37	24	1	1	8509	7506	10986	11980	10867	11532	9797	8277	5855	6345	7670	6933
AT1G75100.1	JAC1 - J-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	1.60E-02	1.09	322	5	5	162822	159062	170162	148155	152518	160621	169121	164246	165525	187739	178675	171093
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	1.60E-02	1.28	440	8	7	159401	158260	119879	117503	172699	151681	127720	128969	117316	118513	94692	99108
AT1G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.61E-02	1.64	99	2	2	1310	1594	3813	3586	3187	2687	3972	3997	3756	4113	5131	5566
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	1.63E-02	1.39	390	7	3	32578	35100	37723	33979	25937	26335	18363	21554	17828	19567	29104	31844
AT5G22770.1	alpha-ADR - alpha-adaptin	1.64E-02	1.58	724	15	1	5774	4853	3431	4028	4869	6957	3985	4196	2126	2076	3651	2883
AT1G80400.1	RING/U-box superfamily protein	1.65E-02	3.02	42	1	1	220	430	1162	1250	127	150	986	696	2895	2939	1142	1418
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	1.74E-02	1.43	275	4	4	527973	507365	663526	694708	720997	665173	603344	552316	308549	289575	462783	417766
AT4G08850.1	Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein	1.75E-02	3.37	63	1	1	1789	1826	1720	1940	7588	7379	1500	1257	328	828	1178	1513
AT1G70730.1;AT1G70730.3	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.76E-02	1.50	106	3	2	12544	14737	9799	11788	16703	15403	8463	13040	5088	8355	9837	9350
AT2G30860.1;AT2G30860.2	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	1.77E-02	1.33	95	2	2	9323	9866	8803	7428	8113	9121	13816	11919	11806	14261	9853	8214
AT5G46020.1	unknown protein	1.79E-02	8.13	32	1	1	833	799	333	664	1274	1101	3649	2890	14698	17533	1016	895
AT4G39460.1	SAMC1, SAMT1 - S-adenosylmethionine carrier 1	1.81E-02	1.51	249	3	3	60431	53485	90179	80560	80370	64017	74640	57109	42248	43925	30134	35903
AT3G57020.1	Calcium-dependent phosphotriesterase superfamily protein	1.83E-02	1.31	98	1	1	13498	16846	25169	20108	19316	18819	14919	15299	12708	12928	15977	14707
AT1G31730.1	Adaptin family protein	1.84E-02	1.34	590	9	9	113331	113094	166499	142017	149399	153691	115836	120746	73624	84103	116135	112705
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	1.87E-02	1.79	25	1	1	1102	1033	1679	1267	1747	1264	1016	1187	317	361	872	757
AT3G03110.1	XPO1B, CRM1B - exportin 1B	1.89E-02	1.64	367	6	1	4704	5429	8630	5503	8379	8102	5090	5435	2648	2342	5232	4062
AT2G17240.1	unknown protein	1.89E-02	2.22	49	1	1	11451	12181	17135	16008	3876	4032	17058	16851	40134	33714	19212	16494
AT2G20960.1	pEARLI4 - Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	1.90E-02	1.52	148	3	3	31996	31472	16435	18580	23309	24648	17080	23223	16374	12359	11805	15328
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	1.93E-02	1.57	123	2	2	7083	5702	10303	8846	13613	12456	7320	6725	5346	5070	5727	6780
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	1.96E-02	1.30	889	11	11	1541209	1236896	1093899	1131070	1585898	1408593	1098196	1074465	867518	775009	1180642	1153433
AT4G20360.1	ATRABB0, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	1.99E-02	1.14	2378	27	27	9499279	9383310	9378139	8151729	9120807	8545211	7654066	7005801	9325952	8104892	8057181	7427888
AT1G29470.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.03E-02	2.95	117	3	2	5274	5848	7482	5932	26412	22178	3267	6431	2759	3017	4757	4534
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	2.05E-02	3.95	52	1	1	6948	2433	24780	19069	850	1162	27452	23367	73662	69356	12611	11602
AT2G04350.1	LACS8 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	2.05E-02	1.81	30	1	1	2743	3260	2836	2747	2925	3449	2378	2025	638	598	2260	2017
AT2G40980.1	Protein kinase superfamily protein	2.05E-02	1.41	38	1	1	5885	7293	8737	9384	7625	6686	4057	4120	4352	6230	8120	5470
AT3G61260.1	Remorin family protein	2.07E-02	1.69	186	4	4	19589	23353	12838	13730	25057	22058	10101	13597	17421	13931	5655	8369
AT2G01720.1	Ribophorin I	2.07E-02	1.40	181	4	4	53037	50132	80367	70121	66672	69412	60764	62025	34784	34757	42228	43513
AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	2.09E-02	1.43	73	2	2	49484	45626	60963	65284	77373	89038	54458	55461	41516	43311	38784	37902
AT2G42100.1	Actin-like ATPase superfamily protein	2.09E-02	2.21	446	6	1	8155	7101	15802	17225	1845	3996	12286	13906	24167	26736	21841	20571
AT3G57180.1	BPG2 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.09E-02	1.59	103	2	2	4781	4927	5246	6135	7920	6513	3460	1611	5288	4260	4161	3574
AT4G35970.1	APX5 - ascorbate peroxidase 5	2.12E-02	1.88	77	2	1	1523	2092	1695	2030	2484	2403	1589	2128	344	512	1190	738
AT3G59970.1;AT3G59970.3	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	2.15E-02	1.56	35	1	1	1977	1565	1487	1820	2052	1308	2335	1694	1998	2404	3820	3631
AT3G59020.2;AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	2.17E-02	1.31	1481	24	20	520917	488630	481904	378707	477174	459975	466373	466836	312632	271061	335376	297596

AT1G55130.1;AT3G13772.1	TMN6, AtTMN6 - Endomembrane protein 70 protein family	2.18E-02	1.72	92	2	1	6152	5235	9397	5119	8930	8685	6632	6818	2753	2136	3492	3401
AT3G48310.1	CYP71A22 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 22	2.19E-02	1.73	48	1	1	3098	2593	4333	5368	4887	4964	3483	2988	1078	1902	3152	2012
AT1G08360.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.20E-02	1.90	45	1	1	4388	5156	3211	3089	9009	7906	3148	3351	2110	1796	3657	3209
AT4G16190.1	Papain family cysteine protease	2.28E-02	1.32	33	1	1	3638	4741	5841	5742	7216	6173	6957	6301	7234	9130	7143	7272
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	2.30E-02	1.22	62	1	1	11422	11547	13249	11771	11547	10862	8690	9666	7369	9933	12742	9368
AT1G16460.1	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	2.32E-02	1.14	95	3	3	30628	29730	36170	29049	27272	27786	25537	26259	24105	26632	28843	26991
AT3G43300.1	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	2.36E-02	1.28	1079	17	16	200799	194817	256899	208197	225438	218041	209701	227352	134151	135187	157954	151381
AT1G30850.1	RSH4 - root hair specific 4	2.39E-02	4.98	23	1	1	406	434	719	661	1372	1110	3274	3596	9705	5415	849	580
AT2G35550.2	BPC7, BBR, ATBPC7 - basic pentacysteine 7	2.39E-02	2.17	22	1	1	589	290	513	866	549	598	833	434	1420	1097	2087	1508
AT5G37600.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	2.39E-02	1.33	26	1	1	4023	4185	3797	3096	4996	3662	2517	2886	3947	2223	3670	2555
AT3G27820.1	ATMDAR4, MDAR4 - monodehydroascorbate reductase 4	2.42E-02	1.87	57	2	2	12131	12452	14122	9186	10822	8475	6362	7590	1780	2538	9035	8541
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	2.42E-02	1.26	47	1	1	8926	8678	8602	10024	6623	8705	6651	5922	5389	7140	8551	7408
AT5G18660.1	PCB2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.44E-02	1.86	155	2	2	15204	13235	10412	9189	30863	24734	9986	9158	9517	9653	9377	7994
AT5G67385.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	2.48E-02	1.33	361	6	5	29799	27922	26564	23398	40192	39445	26393	27933	21787	21744	22443	20828
AT5G57550.1	XTR3, XTH25 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 25	2.48E-02	1.91	26	1	1	545	463	472	567	745	1050	249	242	266	108	490	657
AT1G11475.1	NRPB10, NRPD10, NRPE10 - RNA polymerases N / 8 kDa subunit	2.48E-02	2.95	24	1	1	33248	36470	12151	15544	6742	6422	6845	6741	6019	2969	6408	8550
AT4G23600.1	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	2.49E-02	1.41	29	1	1	4745	5779	6129	6245	2936	2894	6840	6901	6001	7359	6904	6568
AT5G64160.1	unknown protein	2.50E-02	2.42	56	1	1	5434	4464	6184	1492	7944	6241	726	1738	1592	1962	3659	3442
AT4G02350.1	SEC15B - exocyst complex component sec15B	2.50E-02	1.58	84	3	3	6932	7489	11167	9084	14468	14672	8352	9052	4945	7088	5236	5771
AT1G76810.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	2.55E-02	1.53	132	3	3	41095	40587	34040	30963	20108	15885	37891	41053	64818	48830	41319	44973
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	2.59E-02	1.52	89	2	1	26273	25279	23536	13639	19607	19610	18256	16226	7689	10379	15299	16150
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	2.60E-02	1.36	142	2	2	63567	61604	99737	81225	51614	57023	72166	78038	92872	109553	102914	109842
AT1G65680.1	ATEXPB2, EXPB2, ATHEXP BETA 1.4 - expansin B2	2.63E-02	1.99	27	1	1	1646	2713	1651	2017	1497	1482	1665	1790	5591	5203	3894	3785
AT5G06700.1	TBR - Plant protein of unknown function (DUF828)	2.64E-02	4.20	22	1	1	542	799	1953	2202	94	234	1170	739	4332	4848	7549	5831
AT1G20020.3;AT1G20020.1;AT1G20020.2	ATLFNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	2.65E-02	2.53	160	3	2	1500	1787	7315	6634	506	303	4194	4083	8184	12108	9108	7988
AT5G14320.1	Ribosomal protein S13/S18 family	2.71E-02	1.37	55	2	2	9784	10179	8991	6574	5832	7520	10113	8190	9683	13236	13547	12005
AT4G36690.1	ATU2AF65A - U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	2.72E-02	1.29	81	1	1	138208	168847	117266	121228	83226	92195	142581	157059	161200	169469	150955	149008
AT2G45180.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.73E-02	2.20	88	2	2	4874	4151	3805	4040	15581	10336	3647	2975	3263	2920	3412	3249
AT1G22410.1	Class-II DAHP synthetase family protein	2.73E-02	1.40	35	1	1	16268	14928	14326	12162	21899	17623	14149	15000	13499	9456	8163	9211
AT1G01160.1	GIF2 - GRF1-interacting factor 2	2.76E-02	2.24	37	1	1	1295	1210	607	859	1574	903	694	976	126	95	499	491
AT5G67630.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.79E-02	1.35	94	2	2	7667	5800	8893	8670	13688	11837	13429	11688	12163	14564	13165	11416
AT1G51160.1	SNARE-like superfamily protein	2.87E-02	1.32	60	1	1	8663	8717	8316	8504	8461	7880	7540	8057	3723	5963	7625	5505
AT1G56240.1	AtPP2-B13, PP2-B13 - phloem protein 2-B13	2.88E-02	2.33	20	1	1	26377	29129	22053	25286	3616	3976	31856	35166	49627	75999	31928	32515
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.90E-02	1.65	79	1	1	3901	4728	4224	3914	1804	2487	2221	2063	2654	2780	1405	1670
AT5G52310.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 2	2.96E-02	1.26	3466	45	45	22545008	19810508	15547225	15359011	21149394	18593602	16492337	16830047	16823368	15123133	11766886	12543777
AT5G46860.1	VAM3, ATVAM3, SYP22, ATSYP22, SGR3 - Syntaxin/t-SNARE family protein	2.97E-02	1.48	46	1	1	17232	18959	14891	16709	15986	15570	13822	15810	6707	5419	12187	13186
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	2.98E-02	1.38	388	5	5	123329	111144	130642	118035	194716	182778	116129	140658	96624	90325	87996	93143
AT5G14270.1	ATBET9, BET9 - bromodomain and extraterminal domain protein 9	2.99E-02	1.57	26	1	1	3533	3505	6844	5727	2220	3328	8690	5874	8223	6733	4594	5312
AT5G01590.1	unknown protein	3.00E-02	2.48	55	2	2	1575	2481	1599	1477	4551	2830	1796	2380	587	790	180	119
AT3G58110.1	unknown protein	3.02E-02	1.98	90	2	2	8891	8284	3731	3569	3598	4946	2710	2478	5061	3554	967	1893
AT1G61520.1	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	3.03E-02	1.23	224	3	3	288327	262424	328502	312318	259576	290667	251375	245306	166773	202262	267840	277209
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	3.04E-02	2.77	37	1	1	447	640	1794	1405	724	365	768	1235	3682	5104	2653	1453
AT5G03460.1	unknown protein	3.06E-02	1.59	85	1	1	7466	8056	7821	8859	14023	12130	9093	10223	4927	3978	4685	3878
AT1G55200.1	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	3.07E-02	2.21	22	1	1	4540	4111	1796	2563	5521	3400	3264	3953	1054	959	329	376
AT3G55020.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	3.08E-02	1.60	154	3	3	103465	86092	276759	179971	179908	170014	187192	178351	293040	320710	307452	311156
AT4G20020.2;AT4G20020.1	unknown protein	3.09E-02	1.85	40	1	1	3287	4694	2646	2682	5613	5275	2563	1576	708	1976	3038	3251
AT3G08943.1	ARM repeat superfamily protein	3.10E-02	1.54	1107	17	4	49176	49576	56743	41717	81096	71228	53712	53370	20164	29202	32827	37662
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.12E-02	1.17	225	5	5	54748	55928	45819	44238	45499	42125	37446	41231	40835	36810	45937	44871
AT1G48120.1	hydrolases;protein serine/threonine phosphatases	3.12E-02	3.14	21	1	1	2863	3271	1024	1041	5950	6209	2284	1875	297	397	819	819
AT3G11750.1	FOLB1 - Dihydroneopterin aldolase	3.14E-02	1.66	81	1	1	1074	1074	3025	2213	833	701	2250	1732	2316	2985	3308	2245
AT3G25690.1;AT3G25690.3	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	3.14E-02	1.44	314	7	7	87078	94986	65405	62412	124820	112968	73646	73980	63080	70736	49709	49243
AT1G75370.2	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	3.16E-02	2.43	22	1	1	744	1040	571	401	952	1056	796	603	307	126	101	25
AT2G23350.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	3.19E-02	1.83	66	2	2	4153	3361	3368	2163	1389	1324	1380	1311	1671	1188	1785	1260
AT2G22125.1	CSI1 - binding	3.19E-02	1.30	828	14	13	73472	74646	94367	80004	114558	104973	83884	84568	58599	56643	67931	66456
AT1G79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	3.22E-02	1.51	67	2	1	1807	2557	3337	2455	1281	1355	3069	2455	2458	3275	4327	3695
AT3G44620.1	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	3.23E-02	17.62	40	1	1	104	0	12	0	261	0	458	395	2438	3313	37	7
AT1G02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.23E-02	1.43	103	3	2	7274	8369	7765	5612	11187	10407	7452	6793	3923	5849	6626	4796
AT5G06280.1	unknown protein	3.27E-02	1.70	26	1	1	10272	11387	18167	18230	4971	5458	16382	14969	23185	28379	17653	15702
AT5G48810.1	ATB5-B, B5 #3, ATCB5-D, CB5-D - cytochrome B5 isoform D	3.27E-02	1.36	86	2	2	67026	62072	103106	105885	62070	63627	57202	57092	60545	66620	51234	47301
AT2G41350.1	unknown protein	3.30E-02	1.61	22	1	1	9253	9560	4110	4859	7476	9094	4832	5895	4862	5418	3531	3042
AT3G12800.1	SDRB, DECR - short-chain dehydrogenase-reductase B	3.32E-02	1.73	64	1	1	3943	4507	2256	3655	2983	2702	1790	2734	2236	3092	678	1056
AT4G00165.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	3.39E-02	1.59	113	2	2	5428	5782	11461	11029	8485	8207	5343	4862	4656	2748	6260	7809
AT1G33120.1	Ribosomal protein L6 family	3.40E-02	1.46	104	2	2	8021	8479	6616	8015	4481	4630	5647	4075	4928	3057	5289	4604
AT4G02110.1	transcription coactivators	3.48E-02	1.63	53	2	1	10169	13961	10718	11557	23476	19041	10187	11434	4437	9615	10002	8933
AT4G21210.1	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	3.49E-02	1.10	268	3	3	96557	90378	98384	79500	93500	95873	78940	90789	79217	87091	84460	83015
AT2G33530.1	scpl46 - serine carboxypeptidase-like 46	3.56E-02	1.57	20	1	1	3091	3448	3003	3905	5617	5427	4122	3348	2361	2645	1732	1378
AT5G46800.1	BOU - Mitochondrial substrate carrier family protein	3.57E-02	1.47	265	3	3	53554	45468	65131	61925	73138	66282	47560	51277	23378	23654	46489	57070
AT3G05970.1	LACS6, ATLACS6 - long-chain acyl-CoA synthetase 6	3.58E-02	1.24	140	3	3	19630	21355	24146	22181	17565	16161	17439	16880	12540	14233	19372	17159
AT4G09720.1;AT4G09720.3	ATRABG3A, RABG3A - RAB GTPase homolog G3A	3.59E-02	1.24	71	2	2	19896	26372	28952	31512	34501	30449	23458	24530	21381	20690	24861	23350
AT1G76010.1	Alba DNA/RNA-binding protein	3.60E-02	1.52	177	2	2	12084	8436	14937	8297	16574	18768	9636	9200	6327	9761	8044	9161
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	3.60E-02	1.26	349	8	8	169594	173396	196898	190238	238235	233161	185998	186217	160376	173685	120681	129003
AT4G12320.1;AT4G12310.1	CYP706A6 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 6	3.60E-02	2.03	135	2	2	7910	5219	7906	8645	17347	11618	9561	10257	2719	3291	1768	1244
AT1G32050.1	SCAMP family protein	3.63E-02	1.32	33	1	1	10536	11961	14365	15079	14794	8851	11816	10325	7490	8170	9906	9692
AT5G15920.1	SMC5 - structural maintenance of chromosomes 5	3.64E-02	1.64	26	1	1	7775	6457	9091	6548	4334	5184	4559	4350	1508	3087	6012	4533
ATCG00490.1;ATMG00280.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	3.69E-02	1.15	1911	30	29	6266852	6036324	7309301	6011346	7735755	6865489	7399874	7186160	8178080	8884626	7438209	6979681
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	3.70E-02	1.31	126	2	2	11950	9998	13298	10784	9630	12622	7280	8317	6719	6364	11624	11778
AT1G71220.1;AT1G71220.2	EBS1, UGGT, PSL2 - UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferases;transferases, transferring hexosyl groups;trar	3.71E-02	1.27	54	1	1	1210	894	1159	1410	1659	1372	852	1063	970	981	1078	1107
AT3G54050.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	3.73E-02	1.32	152	3	2	17971	14029	15454	11429	15063	10718	7470	10744	11318	11945	9126	13476
AT2G42600.1	ATPPC2, PPC2 - phosphoenolpyruvate carboxylase 2	3.77E-02	1.15	128	4	4	33736	34855	37623	30155	39578	39363	40360	42027	39296	48027	41153	36065
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	3.79E-02	1.33	3003	41	38	10435572	10982494	13913146	12325531	9278639	8646813	10670681	10776226	15757858	17849136	16000795	16277547
AT4G29790.1	unknown protein	3.80E-02	1.55	21	1	1	1094	1007	2493	2172	1120	666	2200	1663	2289	1913	3074	2141
AT4G14160.1;AT2G21630.1;AT4G14160.3	Sec23/Sec24 protein transport family protein	3.81E-02	1.20	514	8	7	160992	163853	214875	175705	216050	204869	167187	168954	127455	143914	175012	166500
AT1G67900.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	3.83E-02	1.59	25	1	1	1395	1643	1721	1391	1268	1053	727	1627	321	631	1246	770
AT3G47630.1	unknown protein	3.84E-02	1.53	21	1	1	19894	27741	18683	34177	16820	27914	22722	19334	8757	11013	17487	15646
AT2G07050.1	CAS1 - cycloartenol synthase 1	3.90E-02	2.24	64	2	1	5275	5851	5567	4747	9213	9589	4070	4380	516	395	4151	4436
AT2G41430.1;AT2G41430.3	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	3.91E-02	2.35	141	2	2	65835	73845	51156	58360	132199	137985	45177	48581	55687	58927	6383	5840
AT1G55090.1	carbon-nitrogen hydrolase family protein	3.92E-02	1.31	49	1	1	9371	7821	17723	12176	9831	11449	13911	14153	14596	13025	18502	15170
AT3G19980.1;AT1G50370.1	ATFYPP3, EMB2736, STPP, FYPP3 - flower-specific, phytochrome-associated protein phosphatase 3	3.92E-02	1.80	113	3	2	5306	6277	8942	9838	6726	3331	12317	4612	11918	14298	15694	13774
AT5G59710.1	VIP2, AtVIP2 - VIRE2 interacting protein 2	3.93E-02	1.38	59	1	1	1795	2681	3026	2222	2358	1602	2370	1298	1853	1324	1593	1491
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	3.95E-02	1.27	261	3	3	314366	338700	218858	222082	242453	237222	215718	210658	230131	243607	167120	171790
AT3G17800.1;AT3G17800.2	Protein of unknown function (DUF760)	3.95E-02	1.95	70	1	1	692	1081	1378	937	699	317	943	1135	908	2250	2215	2510
AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamma-2 COP, putative	3.97E-02	1.14	1347	24	24	765305	759483	944419	838244	936524	958650	787012	801721	664533	746724	792980	789090
AT4G09000.1;AT4G09000.2	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	3.98E-02	1.66	703	9	4	32988	26771	72496	63356	24355	28411	41994	44833	70657	96303	82423	75498
AT1G29900.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	4.03E-02	1.46	105	2	2	3276	2236	4607	3805	4146	4312	4517	4421	3725	5483	6570	7924
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	4.04E-02	1.21	606	7	4	18460	18402	25591	20989	17084	18787	16406	18077	12464	17724	17285	16463

AT2G46170.1	Reticulon family protein	4.05E-02	1.71	59	2	1	4317	3697	6349	5151	7111	7855	4385	3905	1162	1887	4483	4313
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	4.09E-02	1.31	142	4	3	41165	33889	32341	26863	42545	35064	30150	28556	30885	33330	19368	19940
AT5G13850.1	NACA3 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	4.13E-02	10.43	416	5	3	2522	3188	1831	2108	8995	14835	29652	28172	134947	149484	3626	3226
AT1G06510.1	unknown protein	4.15E-02	1.53	47	1	1	853	1252	1731	1366	1037	1157	1206	1383	1815	1524	2837	2574
AT1G26170.1	ARM repeat superfamily protein	4.18E-02	1.41	120	3	3	39941	33973	41714	28020	24062	23783	31195	22848	15695	15967	25496	24312
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	4.19E-02	1.22	598	7	7	288893	289699	400114	347116	423371	412525	328839	333049	261772	268039	292653	285486
AT1G57610.1	Protein of unknown function (DUF607)	4.24E-02	1.65	36	1	1	702	754	788	772	1951	1350	572	869	661	699	546	478
AT3G02200.2;AT3G02200.1	Proteasome component (PCI) domain protein	4.24E-02	1.54	250	4	4	31867	33373	40393	35852	62562	63305	33211	34254	17284	19122	34317	35699
AT1G59990.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	4.31E-02	1.86	27	1	1	205	160	348	154	118	220	302	125	88	29	41	65
AT1G51690.3	B ALPHA - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	4.32E-02	1.32	191	3	3	26848	27325	49400	29633	35278	30732	33450	36382	48070	55513	39798	50126
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.37E-02	1.40	80	1	1	7745	5985	7770	7149	8747	9525	7296	7314	3073	3782	6508	5599
AT4G11380.1	Adaptin family protein	4.38E-02	1.42	1058	17	2	22669	22011	18351	20086	32384	33855	22787	24495	17603	13353	13080	14092
AT5G42270.1	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	4.39E-02	1.61	311	4	1	5221	5601	10959	9020	4724	2201	7545	7905	11128	8814	12198	13180
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	4.41E-02	1.35	65	1	1	17870	16404	12170	11845	10820	10674	9730	9705	7082	7452	12393	12523
AT5G60230.2	SEN2, ATSEN2 - splicing endonuclease 2	4.42E-02	2.63	22	1	1	35141	43362	15898	18913	34730	28333	20575	16852	963	516	14340	13861
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	4.45E-02	1.29	44	1	1	7185	7314	4849	5240	4448	5211	5383	5305	4114	3692	4236	3799
AT5G53400.1	BOB1 - HSP20-like chaperones superfamily protein	4.50E-02	1.87	21	1	1	3028	4068	2781	3554	7395	6327	3089	2987	939	936	3228	3347
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	4.52E-02	1.30	492	9	8	206016	203181	298905	242294	164973	188615	270965	203142	320074	248660	339852	306834
AT1G24650.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	4.54E-02	1.88	31	1	1	6215	5303	3408	3585	9633	7866	4999	3995	1109	1484	3607	3972
AT5G65910.1	BSD domain-containing protein	4.56E-02	1.20	71	2	2	56130	54834	46388	46316	47687	43608	54448	52930	73414	68999	51099	52531
AT4G39520.1	GTP-binding protein-related	4.57E-02	2.12	25	1	1	795	551	2510	1212	1395	584	529	627	283	987	587	305
AT4G32150.1	VAMP711, ATVAMP711 - vesicle-associated membrane protein 711	4.61E-02	1.66	30	1	1	3014	3834	4041	5856	6996	4973	3789	2757	973	2410	3497	3831
AT4G00400.1;AT1G01610.1	GPAT8, AtGPAT8 - glycerol-3-phosphate acyltransferase 8	4.61E-02	1.68	85	2	2	1179	2267	2729	2692	2916	3349	1845	2177	735	1471	1950	816
AT3G59870.1	unknown protein	4.64E-02	1.39	77	2	2	4954	5797	4990	6361	3184	3772	7070	6118	4509	5799	8830	7947
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	4.71E-02	1.65	118	2	1	7439	7238	7620	8549	7491	7038	1166	1576	11436	11791	852	697
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	4.74E-02	2.11	21	1	1	6053	5539	6411	7358	4356	2116	7569	7596	5705	6278	20277	19702
AT3G10300.2	Calcium-binding EF-hand family protein	4.77E-02	3.62	86	1	1	2414	2536	715	787	7361	6304	1268	1341	615	776	463	1101
AT3G53110.1	LOS4 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.80E-02	1.36	526	9	7	308395	282559	316373	309886	332647	335409	415088	409621	551966	575842	272708	330008
AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	4.87E-02	1.21	227	4	4	147808	147313	136872	111242	90628	104966	149936	155286	149807	168386	134082	134485
AT3G13220.1	WBC27, ABCG26 - ABC-2 type transporter family protein	4.89E-02	2.13	21	1	1	49	32	0	116	0	509	186	175	414	234	254	236
AT4G30310.2	FGGY family of carbohydrate kinase	4.92E-02	1.67	40	1	1	1072	698	398	463	1394	620	1096	1055	2018	1788	1040	763
AT5G11560.1	catalytics	4.94E-02	1.42	188	4	4	27930	32716	36462	28690	53512	55510	31931	34840	22995	21233	28215	26248
AT2G28900.1	OEP16, ATOEP16-L, ATOEP16-1, OEP16-1 - outer plastid envelope protein 16-1	4.96E-02	1.31	344	5	5	58814	69504	69738	77310	69605	74179	80072	72728	35404	39055	47657	44579
AT2G15860.1;AT2G15860.2	unknown protein	4.96E-02	1.56	102	1	1	4072	3008	11308	7345	2741	3002	6149	5633	9369	10317	9243	8431
AT1G56330.1;AT1G09180.1	SAR1, ATSAR1, ATSARA1B, ATSAR1B, SAR1B - secretion-associated RAS 1B	5.02E-02	1.21	291	5	3	41266	43152	48547	37564	43194	35590	44922	40449	30352	33060	28148	29765
AT1G30520.1	AAE14 - acyl-activating enzyme 14	5.03E-02	1.35	127	3	3	4264	3777	4488	4290	5621	4532	4945	5015	4600	5207	8279	8464
AT4G35860.1	ATRABB1B, ATGB2, ATRAB2C, GB2 - GTP-binding 2	5.05E-02	1.25	177	2	1	28286	24120	43763	39467	36236	35480	29138	28879	27419	25244	26927	28087
AT5G43470.1	RPP8, HRT, RCY1 - Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	5.08E-02	2.22	183	3	1	2669	2317	1913	2839	3594	3508	1354	1812	436	74	1931	1988
AT2G01210.1	ATSPP, SPP - signal peptide peptidase	5.14E-02	7.74	45	1	1	42	92	365	203	1019	2219	108	15	42	37	224	83
AT5G16810.1	Protein kinase superfamily protein	5.17E-02	7.79	31	1	1	208	138	138	164	708	211	846	545	5269	5110	276	158
AT3G50500.1	SPK-2-2, SNRK2-2, SNRK2.2, SRK2D - SNF1-related protein kinase 2.2	5.17E-02	2.04	68	2	1	7630	6407	4429	2909	5695	4990	5193	4640	2690	2397	339	458
AT3G48070.1	RING/U-box superfamily protein	5.18E-02	15.17	34	1	1	173	198	439	506	1090	975	797	1194	23524	24390	622	762
AT1G74080.1	ATMYB122, MYB122 - myb domain protein 122	5.19E-02	1.88	26	1	1	1199	1061	1971	2600	490	1220	1350	1322	3247	2986	3748	3426
AT1G30470.2	SIT4 phosphatase-associated family protein	5.20E-02	1.54	427	8	2	37444	32501	33549	32446	9003	20842	38059	34899	51502	42044	35309	54135
AT3G58140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase class IIc family protein	5.20E-02	1.38	65	1	1	12402	13283	19680	18447	24744	21578	14414	15436	8667	12797	14391	13985
AT4G16130.1	ARA1, ISA1, ATISA1 - arabinose kinase	5.21E-02	1.26	315	6	4	24737	24811	31731	26820	40913	37342	23700	27643	21023	27473	24138	24104
AT3G43920.3	DCL3, ATDCL3 - dicer-like 3	5.21E-02	2.18	25	1	1	265	65	96	200	99	258	362	102	341	663	417	257
AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-related	5.23E-02	42.12	596	6	1	1218	0	170	560	22777	20182	0	0	0	854	0	212
AT1G13320.1	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	5.23E-02	1.23	530	11	6	72768	77454	109921	94482	99362	104533	85013	90365	58218	68536	72931	78613
AT1G66410.1;AT1G66410.2;AT3G43810.1	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	5.24E-02	2.07	279	5	1	65042	63686	114338	78027	11014	11284	80114	62676	182990	171366	102760	111629
AT2G20020.1	CAF1, ATCAF1 - RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	5.25E-02	1.49	22	1	1	86832	93107	100398	88688	35428	30838	102988	102278	122839	130262	94096	96009
AT3G47470.1	LHCA4, CAB4 - light-harvesting chlorophyll-protein complex I subunit A4	5.25E-02	1.29	316	6	6	227512	211951	356268	266382	311309	306235	221130	229371	156890	179424	262829	252512
AT3G50770.1	CML41 - calmodulin-like 41	5.30E-02	2.29	45	1	1	2485	3046	3898	4339	465	585	4369	3358	9804	9959	3238	3190
AT1G74050.1;AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	5.33E-02	1.46	47	1	1	6040	6892	7581	6173	5401	4896	3002	2420	2353	3117	7626	6830
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	5.37E-02	20.23	40	1	1	212	360	1878	315	0	58	12	0	20	0	107	0
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	5.40E-02	1.29	184	4	4	81979	82324	82589	70341	95713	73389	53877	52007	93628	84348	46281	47413
AT4G18260.1	Cytochrome b561/ferric reductase transmembrane protein family	5.43E-02	1.50	31	1	1	2429	1911	3027	3028	1285	3000	2185	2083	1297	1517	1625	1097
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	5.45E-02	1.15	354	6	6	270090	297437	261913	239571	262878	253719	302924	321658	307664	374590	258197	264059
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	5.48E-02	1.30	120	3	3	20578	19311	21673	18888	14115	15559	13299	13059	9956	10753	19260	18364
AT5G07340.1	Calreticulin family protein	5.51E-02	1.24	79	2	1	46246	48912	42888	39823	64033	61388	45674	46884	39134	42847	36504	33660
AT1G04430.1;AT4G14360.1;AT5G14430.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	5.52E-02	1.89	85	2	1	1425	1692	1887	1362	2285	2999	2365	1362	1198	850	204	174
AT1G73230.1	Nascent polypeptide-associated complex NAC	5.54E-02	1.33	41	1	1	4016	2975	5791	4536	2761	3924	4813	4269	5140	7626	5361	4752
AT5G28500.1;AT5G28500.2	unknown protein	5.57E-02	1.16	775	13	12	275834	268027	235849	211192	193390	188713	263388	250952	289120	290342	262978	238935
AT3G48600.2	SWIB complex BAF60b domain-containing protein	5.58E-02	1.97	22	1	1	886	997	1514	2260	136	652	3102	2076	1932	1622	2848	1145
AT5G54750.1;AT5G54750.2	Transport protein particle (TRAPP) component	5.59E-02	1.49	312	5	5	56961	58941	61456	49179	116571	104082	58802	64589	42830	52588	42711	38253
AT3G50110.1	ATPEN3, PEN3 - PTEN 3	5.62E-02	1.47	26	1	1	8288	7826	8552	7415	13056	13581	8095	9462	8307	6148	3849	4116
AT1G66940.1	protein kinase-related	5.63E-02	115.57	21	1	1	0	54	27	8	28	17	426	604	8596	5785	3	15
AT5G27650.1	Tudor/PWWP/MBT superfamily protein	5.63E-02	1.39	49	1	1	5086	5533	7600	5150	5126	6556	6248	8206	6445	9118	5826	12885
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	5.65E-02	1.15	432	9	9	176460	180529	218963	204645	175573	196360	161695	164819	129150	165422	190648	187974
ATCG00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	5.66E-02	1.28	530	7	6	537516	517244	572617	444298	645199	662688	407417	432327	283387	375929	559563	578623
AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	5.68E-02	1.28	233	6	5	21938	20490	20681	17337	29288	29650	20515	20882	13298	18103	16775	19284
AT2G21410.1	VHA-A2 - vacuolar proton ATPase A2	5.72E-02	1.27	102	2	1	2159	2340	1495	2200	1855	1985	2689	2776	2016	1844	3092	2857
AT3G01510.1	LSF1 - like SEX4 1	5.78E-02	1.31	157	3	2	40976	47534	39065	39710	67132	63895	38381	44895	27628	36020	40514	39706
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	5.79E-02	1.18	905	14	14	474508	467081	507926	440739	478110	437393	442468	438676	650640	583549	614975	590121
AT2G25310.1	Protein of unknown function (DUF2012)	5.83E-02	1.48	39	1	1	5193	4786	4880	5506	8842	7665	5010	5350	2176	2393	5309	4685
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GST6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	5.85E-02	1.39	264	6	5	127195	107329	97333	76073	161385	134593	100859	91134	55060	62790	98452	98591
AT1G48320.1	Thioesterase superfamily protein	5.85E-02	1.30	24	1	1	1499	1743	1936	1558	1773	2190	2152	2277	2380	1446	2827	2833
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	5.95E-02	1.56	172	4	1	2372	3068	3213	3254	1522	1686	2667	2326	3146	4742	5233	5448
AT2G27030.1	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	5.97E-02	2.29	219	4	1	126623	123329	275181	202043	6774	7373	173528	166050	361769	464357	283566	246023
AT3G11930.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	6.04E-02	1.52	294	4	4	23415	21654	30647	28975	27907	23638	19853	25798	52832	48476	45711	44120
AT3G50590.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.06E-02	1.70	81	2	2	8497	11358	12176	11991	5274	9496	7037	5602	1649	2601	9024	8692
AT5G02500.1;AT1G16030.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	6.08E-02	1.26	736	12	5	39431	42941	41553	44899	62704	61278	30266	34433	36970	42705	44982	43488
AT4G12780.1;AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	6.11E-02	1.35	468	7	4	44014	47784	31064	25966	51532	49913	33182	35846	25248	26499	31051	34157
AT1G50790.1	Plant mobile domain protein family	6.12E-02	1.24	29	1	1	67917	65857	84066	69932	97258	97877	108862	98696	74155	87891	117592	110397
AT5G19990.1;AT5G20000.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	6.12E-02	1.23	254	5	4	49631	56231	59171	42566	40880	41241	34587	36567	33508	32969	52636	44556
AT3G44330.1	unknown protein	6.12E-02	1.65	93	2	2	3561	1927	5713	5180	3023	4003	2462	2376	1109	1476	3847	2953
AT1G29530.1	unknown protein	6.15E-02	1.43	25	1	1	5463	6607	5653	6067	9282	9434	7006	7365	4128	5026	3357	2791
AT5G44410.1	FAD-binding Berberine family protein	6.15E-02	1.38	27	1	1	49650	46159	29764	28237	28468	28368	25104	26147	16514	20239	31384	32892
AT2G03510.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	6.18E-02	1.61	61	1	1	3720	4557	7711	6674	5365	7678	4661	4833	1300	1978	5103	4325
AT1G06190.2;AT1G06190.1	Rho termination factor	6.20E-02	6.74	158	3	3	3295	3526	1827	2699	4411	4141	6368	4890	62954	52802	3600	3452
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	6.21E-02	1.49	30	1	1	14192	14105	14689	14995	7070	8206	7466	8854	5718	5189	9847	12028
AT5G47490.1	RGPR-related	6.27E-02	1.32	285	3	3	49982	53036	63624	42887	28918	23719	58985	52983	61200	65167	56153	52242
AT1G05010.1	EFE, ACO4, EAT1 - ethylene-forming enzyme	6.28E-02	1.53	35	1	1	272	174	418	698	227	277	389	770	596	491	592	330
AT4G16250.1	PHYD - phytochrome D	6.29E-02	1.81	46	1	1	694	1329	1379	1175	1773	1280	1206	207	485	118	915	1279
AT4G16370.1	ATOPT3, OPT3 - oligopeptide transporter	6.36E-02	1.57	20	1	1	3526	4473	6447	6389	6546	6745	6323	6063	1520	1616	3694	2536

AT4G17570.2	GATA26 - GATA transcription factor 26	6.39E-02	1.67	21	1	1	109	0	778	749	0	0	163	166	823	795	575	215
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	6.49E-02	5.81	270	4	2	2616	2693	1597	1001	5851	5024	6039	7101	47545	43255	2893	2297
AT1G30460.1	CPSF30, ATCPSF30 - cleavage and polyadenylation specificity factor 30	6.53E-02	13.25	52	1	1	1548	1399	156	154	12498	11306	492	735	618	110	71	16
AT5G48620.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	6.55E-02	1.62	165	3	1	3548	3309	3447	4351	2160	2604	1271	2326	629	726	3233	3820
AT5G56560.1	FBD, F-box and Leucine Rich Repeat domains containing protein	6.57E-02	2.31	51	2	2	1720	626	531	688	859	825	739	552	3082	2363	2686	2685
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	6.57E-02	1.56	48	1	1	4059	3612	3233	2979	7483	5959	3195	2866	1647	1793	3768	4199
AT5G66810.1	unknown protein	6.58E-02	1.43	92	2	2	12040	12674	16101	12453	16340	15734	12216	12932	3990	5781	12581	12021
AT3G09260.1	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LEB - Glycosyl hydrolase superfamily protein	6.62E-02	1.61	40	1	1	5613	5450	7149	4850	2272	2956	6616	4709	5707	5676	11309	11579
AT5G22800.1	EMB86, EMB1030, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	6.64E-02	1.53	83	2	2	1474	1470	4765	3484	1018	1050	2725	2545	3872	4924	3226	2933
AT5G20490.2;AT5G20490.1	XIK, ATXIK, XI-17 - Myosin family protein with DIl domain	6.64E-02	1.47	34	1	1	2181	1792	3810	3013	2397	2673	1957	2263	1337	764	2341	2098
AT5G37630.1	EMB2656 - ARM repeat superfamily protein	6.68E-02	2.99	29	1	1	325	1142	190	288	870	1066	546	227	7	210	82	226
AT5G46400.1	AT PRP39-2, PRP39-2 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.72E-02	2.49	23	1	1	388	322	901	1359	39	20	480	446	1738	831	2128	1925
AT4G19006.1	Proteasome component (PCI) domain protein	6.73E-02	1.59	454	8	3	15371	16361	19495	20216	37437	38020	20355	21569	10136	10523	16798	13258
AT3G51260.1;AT3G51260.2	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	6.74E-02	1.24	163	3	3	10061	10580	15530	9148	9912	12375	11773	11018	16163	15454	16979	12737
AT2G47840.1	Uncharacterised conserved protein ycf60	6.76E-02	1.54	77	2	2	21801	17699	45476	34517	38166	34620	29133	24434	11199	14372	24621	21417
AT5G39570.1	unknown protein	6.89E-02	1.99	455	8	7	47263	36574	57636	34805	42415	33107	50563	50890	184173	123481	45586	45146
AT1G80180.1	unknown protein	6.90E-02	1.72	61	1	1	5191	3513	2703	3058	5333	5638	3789	5122	2745	1830	568	717
AT3G53560.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.92E-02	1.52	31	1	1	639	892	1186	1111	287	692	1286	1409	1175	770	1677	1005
AT1G29350.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	6.92E-02	2.05	170	4	1	16222	21191	8912	10619	5909	4189	7726	9263	5586	5224	2006	2871
AT4G03000.1	RING/U-box superfamily protein	6.95E-02	1.36	24	1	1	11591	14507	14619	11509	19710	20935	13654	13983	6861	9507	11055	13107
AT3G12380.1	ATARP5, ARP5 - actin-related protein 5	7.01E-02	1.74	44	1	1	1454	1296	3429	2264	910	890	1671	1575	4389	4831	2642	2678
AT2G41690.1	AT-HSFB3, HSFB3 - heat shock transcription factor B3	7.05E-02	2.91	26	1	1	635	976	258	478	1	0	1128	1051	1821	1637	674	515
AT1G09730.1	Cysteine proteinases superfamily protein	7.06E-02	2.14	48	1	1	1744	1479	1123	1496	5091	4649	1795	1748	719	514	1376	1119
AT4G39080.1	VHA-A3 - vacuolar proton ATPase A3	7.08E-02	1.37	284	5	3	24074	20834	43893	26033	25953	25644	23777	27442	12251	18809	16444	22723
AT5G09810.1;AT2G42170.1;AT3G46520.1	ACT7 - actin 7	7.10E-02	1.22	1261	16	8	1839499	1876243	2504550	2265765	1761507	1842317	1504927	1458822	1291695	1477233	2112397	2089519
AT4G14030.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	7.11E-02	1.58	232	3	3	20513	18302	19323	14758	12977	13323	12350	11071	5147	2619	14795	16722
AT3G13720.1	PRA1.F3, PRA8 - PRA1 (Prenylated rab acceptor) family protein	7.11E-02	1.44	56	1	1	17404	19294	24174	27676	33478	34584	25080	25972	9840	13873	18498	15852
AT4G04950.1	thioredoxin family protein	7.14E-02	1.28	120	2	2	9313	10451	13626	11155	11900	10536	9132	8714	5225	6730	11231	11486
AT3G14075.1	Mono-/di-acylglycerol lipase, N-terminal;Lipase, class 3	7.14E-02	1.45	32	1	1	47109	37139	22973	25940	49412	41877	27924	33587	25238	13577	24312	29961
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	7.16E-02	1.21	430	7	7	144084	143661	183207	142342	120067	136675	113338	113403	139234	159629	97446	95722
AT3G62770.1;AT3G62770.3	AtATG18a - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	7.24E-02	1.32	83	2	2	7200	7199	8197	7320	11260	11172	5672	7007	4374	5429	8172	9097
AT1G12270.1	Hop1 - stress-inducible protein, putative	7.30E-02	1.54	23	1	1	78939	80803	117644	98881	21845	26134	105044	116742	140075	99677	98213	92252
AT5G35100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	7.34E-02	1.34	54	1	1	5134	6663	2788	4303	3932	4489	7907	4871	7004	4296	7016	5586
AT1G64580.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	7.36E-02	2.27	28	1	1	2613	3948	4674	2744	13358	11602	3882	2563	1649	1364	4659	3002
AT5G48380.1	BIR1 - BAK1-interacting receptor-like kinase 1	7.36E-02	1.54	106	2	2	1993	2435	3534	2753	3054	1378	2155	1194	673	1722	2105	1978
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	7.39E-02	1.26	181	2	2	35517	33956	35955	39966	34262	44804	30267	29191	17912	22139	41175	36826
AT1G67090.1;AT1G67090.2	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	7.40E-02	1.34	585	8	4	887641	810922	640303	525696	514208	515708	512714	523775	324033	338293	590313	609494
AT1G07920.1;AT1G07930.2;AT5G60390.2	GTP binding Elongation factor Tu family protein	7.43E-02	1.30	527	10	10	481591	518722	525629	490597	295614	298790	286084	305597	362604	388487	326677	333186
AT1G64620.1	Dof-type zinc finger DNA-binding family protein	7.48E-02	1.21	24	1	1	3511	3591	3763	4344	4758	4016	5445	6367	4811	4532	4080	3792
AT2G01250.1	Ribosomal protein L30/L7 family protein	7.49E-02	1.38	101	2	2	13748	14974	17311	16786	22158	28219	11571	11173	15627	22806	10943	10181
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	7.53E-02	1.58	210	4	4	69422	66665	35766	39988	86345	89434	53897	54236	45852	46697	23698	21489
ATCG00280.1	PSBC - photosystem II reaction center protein C	7.53E-02	1.68	104	2	2	13165	14828	42165	27758	27944	26017	16476	21710	7222	7912	15744	21503
AT4G23850.1;AT1G64400.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	7.54E-02	1.28	222	5	4	37951	39451	64207	49429	58546	63857	49775	50745	35890	37478	36893	34222
AT5G46750.1	AGD9 - ARF-GAP domain 9	7.55E-02	1.33	62	1	1	3627	2513	4605	2858	3918	4998	3248	3232	1910	2889	2673	3010
AT2G24820.1	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	7.57E-02	1.48	136	3	2	11432	12805	15303	11833	5841	7713	8280	7137	8037	10226	5877	4344
AT4G22320.1	unknown protein	7.59E-02	1.88	46	1	1	14283	9827	3083	6619	10853	7979	2371	4459	3874	1237	6671	9338
AT3G48940.1	Remorin family protein	7.61E-02	1.23	26	1	1	37894	39592	40482	39529	61964	59499	40654	40848	34456	38100	36821	35048
AT4G14210.1	PDS3, PDS, PDE226 - phytoene desaturase 3	7.63E-02	1.35	97	3	3	9232	12234	12691	8693	14362	12307	12333	13213	7504	6600	6839	4948
AT5G48120.1	ARM repeat superfamily protein	7.64E-02	1.54	71	2	2	3763	3765	4189	3246	6807	7136	4574	5173	2133	1348	2539	2980
AT5G26742.1;AT5G26742.3	emb1138 - DEAD box RNA helicase (RH3)	7.69E-02	1.61	76	1	1	2410	2797	4970	3147	1585	1747	3180	2387	3112	5363	6335	6404
AT1G09620.1	ATP binding;leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-tRNA ligase	7.70E-02	1.31	558	7	7	51192	46028	62189	48492	76388	62300	47048	45363	25805	34285	50621	61295
AT4G29520.1	unknown protein	7.71E-02	1.22	476	7	7	95509	97256	109387	107424	84265	94482	112355	117951	135391	163776	95910	94207
AT4G19160.2	unknown protein; Has 35333 Blast hits to 34131 proteins in 2444 species: Archae - 798; Bacteria - 22429; Meta:	7.74E-02	1.51	20	1	1	7535	8774	17900	11353	8056	6344	5884	6142	3712	8013	7064	8899
AT5G23880.1	EMB1265, CPSF100, ESP5, ATCPSF100 - cleavage and polyadenylation specificity factor 100	7.76E-02	1.23	212	3	3	32737	36770	27539	27916	42834	37130	28054	26627	30629	37028	21882	22081
AT1G66070.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	7.77E-02	1.31	113	3	3	22972	21243	21603	21225	20250	22402	25024	22824	39343	39238	23026	20433
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	7.83E-02	1.22	140	4	4	52328	55185	45929	42005	45140	41541	51205	51561	32463	34730	28832	32032
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 - homologue of NAP57	7.84E-02	1.27	77	1	1	127053	124580	101512	92142	88209	88599	110024	105601	146811	194142	118399	116135
AT5G35360.1;AT5G35360.2;AT5G35360.3	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	7.87E-02	1.31	709	11	11	352908	339818	465599	430257	319915	343469	337622	346566	489290	532025	638214	610793
AT3G08510.3	phospholipase C 2	7.90E-02	3.30	256	4	1	200	244	302	427	2451	2196	2126	2243	6198	7504	692	450
AT4G25940.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	7.93E-02	1.28	75	2	2	16533	16458	18251	16943	23381	25491	16063	15251	17014	20058	9538	13847
AT3G15880.1	WSIP2, TPR4 - WUS-interacting protein 2	7.93E-02	1.82	187	5	1	17781	19332	37291	32833	7138	4776	19110	18839	55788	50439	36005	36336
AT1G80380.2;AT1G80380.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	8.03E-02	1.22	205	5	5	32551	36289	41490	40887	38820	35402	48272	44270	52862	58746	38384	32791
AT1G08370.1	DCP1, ATDCP1 - decapping 1	8.05E-02	1.79	34	1	1	10228	14119	3140	5209	6412	8438	4316	3252	1777	3349	3908	9966
AT3G50950.1	ZAR1 - HOPZ-ACTIVATED RESISTANCE 1	8.06E-02	1.41	62	1	1	1736	1395	2774	2502	1685	1783	1205	1166	943	843	2034	2260
AT5G09200.1;AT2G40010.1;AT3G09200.2	Ribosomal protein L10 family protein	8.06E-02	1.26	803	13	9	5742392	5050127	3693439	3713428	5766596	5819342	4509392	4458098	3885815	4417351	2886966	3519222
AT5G44520.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	8.09E-02	1.26	65	1	1	6430	7432	11896	9926	7968	5862	9281	8798	10073	12789	12699	8904
AT4G31120.1;AT4G31120.2	SKB1, ATPRMT5 - SHK1 binding protein 1	8.14E-02	1.28	119	3	3	14897	14160	26441	21457	13778	14675	19291	17126	22160	21355	28985	25629
AT1G33040.1	NACA5 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 5	8.15E-02	1.52	77	2	2	4280	5478	1786	1967	3669	1266	6591	6540	4035	3949	3713	3261
AT1G55670.1	PSAG - photosystem I subunit G	8.15E-02	1.87	36	1	1	9936	10593	9288	10987	28533	31277	15770	13526	7201	7385	5061	4879
AT2G27210.1	BSL3 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 3	8.15E-02	1.38	266	4	1	1662	1142	3939	2530	2178	2078	2711	2458	3156	2426	3854	4065
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	8.24E-02	1.27	861	11	10	809003	746816	916261	744077	494741	503821	745281	668872	879632	942113	1051727	1049778
AT3G50370.1	unknown protein	8.28E-02	1.22	53	2	2	101993	108783	100381	117744	91302	88289	120568	110138	146785	163011	102264	97193
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	8.31E-02	1.27	215	4	4	77173	79753	114533	104861	107773	113563	108254	110976	158664	171323	108858	99744
AT1G49380.1	cytochrome c biogenesis protein family	8.34E-02	1.79	29	1	1	1846	1440	4172	2230	909	1042	2120	1676	4643	2047	4285	6064
AT1G60220.1	OTS1, ULP1D - UB-like protease 1D	8.41E-02	1.32	20	1	1	2944	3168	3674	2252	4235	4072	2371	3059	2271	1527	3124	3055
AT1G14670.1;AT2G01970.1	Endomembrane protein 70 protein family	8.42E-02	1.25	68	2	2	6386	6517	9572	8417	9877	10528	8002	7240	5067	6572	7491	6824
AT1G48600.1;AT3G18000.1	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.46E-02	1.35	181	4	2	16115	17703	32474	20635	27415	26395	17554	18011	12942	11837	22123	21864
AT1G14650.1;AT1G14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	8.48E-02	1.76	264	5	5	269097	264315	178118	177136	614077	561828	253201	264391	159672	146015	170500	176013
AT5G25430.1	HCO3- transporter family	8.50E-02	1.47	23	1	1	10558	12378	6958	12245	9784	15082	12444	9861	2747	5463	8553	6395
AT2G01600.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	8.58E-02	2.10	58	1	1	1518	1498	2844	1418	7349	4091	2166	2285	781	1305	1124	1240
AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.59E-02	1.24	104	2	1	4385	5026	9220	5629	6235	5926	7046	7006	6962	6117	9581	8503
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	8.62E-02	1.40	60	1	1	12981	11951	7083	8759	5510	6322	6029	6722	5086	5650	8126	5945
AT5G16730.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	8.67E-02	1.21	20	1	1	9571	9902	6810	6699	6328	7955	11294	11754	8060	9192	8005	8970
AT2G39730.1;AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	8.67E-02	1.17	5240	63	61	51688976	48801614	48124504	41039334	37822784	34366559	36359279	35611808	32039579	38448026	41530259	40701704
AT2G22310.1;AT4G39910.1	ATUBP4, UBP4 - ubiquitin-specific protease 4	8.71E-02	1.94	24	1	1	529	275	537	209	244	143	190	485	290	31	0	0
AT5G43960.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	8.72E-02	2.31	114	3	1	296	135	604	489	1124	935	491	535	53	66	190	216
AT2G46910.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	8.73E-02	1.34	155	3	3	13610	12624	14615	16804	12391	15004	9493	9847	5874	5603	16861	15958
AT2G20280.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	8.74E-02	3.48	33	1	1	2030	1598	13103	1218	355	0	3402	6746	15065	29585	3944	4898
AT4G25050.1	ACP4 - acyl carrier protein 4	8.76E-02	1.40	90	2	2	147146	136056	73935	116161	84396	83093	62019	46147	124083	90536	58547	77901
AT1G68010.1	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	8.78E-02	1.26	513	6	5	51124	52268	49155	45754	85055	71584	52366	52602	42875	39836	50700	43218
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	8.82E-02	1.14	2793	40	37	1499233	1387258	1775246	1473710	1714085	1549514	1625661	1576807	1118649	1193752	1386358	1353880
AT2G40890.1	CYP98A3 - cytochrome P450, family 98, subfamily A, polypeptide 3	8.86E-02	1.26	24	1	1	57430	52380	67674	59190	37580	47109	56717	50767	59641	68171	84028	84214
AT1G29310.1	SecY protein transport family protein	8.88E-02	1.63	48	1	1	1838	1308	2458	2604	4576	3027	3085	3002	927	724	960	1023
AT5G22580.1	Stress responsive A/B Barrel Domain	8.89E-02	1.25	99	2	2	13463	15546	18639	15611	18846	21446	15470	16748	9283	17880	12165	11576
AT5G16620.1	PDE120, TIC40, ATTIC40 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	8.90E-02	1.61	120	2	2	10943	10297	18796	21620	6831	7559	8678	5361	6788	7534	9973	9021

AT5G09850.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	8.94E-02	1.19	324	4	3	52710	47485	59617	48041	56072	55445	66234	70600	66670	77083	49745	48922
AT3G11070.1	Outer membrane OMP85 family protein	8.94E-02	2.06	284	6	6	40843	48598	86611	71469	17858	19519	55741	58321	189691	179820	53853	48347
AT3G62030.2;AT3G62030.1;AT3G62030.3	ROC4 - rotamase CYP 4	9.00E-02	1.31	150	3	3	29375	33781	33181	36101	31345	31454	32765	34480	63314	56207	34423	34087
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	9.06E-02	1.45	377	7	7	315061	303172	207901	193288	476932	424852	253429	256593	248468	258427	144609	164042
AT4G00630.1	KEA2, ATKEA2 - K+ efflux antiporter 2	9.08E-02	1.67	87	2	1	1488	1745	1644	1643	356	592	2075	1912	2498	3357	1589	1028
AT1G03310.1	ATISA2, ISA2, DBE1, BE2 - debranching enzyme 1	9.08E-02	1.24	527	9	9	257209	246973	362850	296000	247008	253261	215942	210331	156357	172901	305715	282005
AT1G06690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	9.13E-02	1.25	60	1	1	3337	2836	4339	3342	2729	3517	2389	3064	1609	2806	3038	3198
AT1G21720.1;AT1G77440.1	PBC1 - proteasome beta subunit C1	9.15E-02	1.25	156	4	4	14332	14242	20016	16178	13605	14364	18847	18526	12619	18285	24885	22425
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	9.15E-02	1.18	378	10	9	74966	71673	73529	64737	71448	81968	57134	58258	93585	61946	53111	48675
AT4G14540.1	NF-YB3 - nuclear factor Y, subunit B3	9.17E-02	1.26	189	2	2	125566	126139	126549	116061	82883	92474	159730	136126	158928	177464	115565	96527
AT1G32990.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	9.26E-02	2.08	61	2	2	2608	2995	4404	4503	566	114	2589	2767	8687	6910	4192	6447
AT1G04690.1	KAB1, KV-BETA1 - potassium channel beta subunit 1	9.27E-02	4.84	63	2	1	1052	724	222	171	3011	2800	115	464	2	171	418	480
AT3G54010.1	PAS1, DEI1 - FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	9.28E-02	1.74	54	1	1	5706	2993	5415	5891	10783	12418	7746	6780	3308	2835	1740	2380
AT5G05000.1	TOC34, ATTOC34, OEP34 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 34	9.30E-02	1.34	81	2	2	4644	5529	4243	3896	7575	6613	5260	5613	3697	3649	3552	2403
AT3G25580.1;AT2G18990.1	Thioredoxin superfamily protein	9.30E-02	1.17	89	2	2	27617	21247	20728	20269	22117	26336	28129	25090	27136	34897	22216	24386
AT4G22890.1	PGR5-LIKE A - PGR5-LIKE A	9.32E-02	1.21	72	1	1	25390	23279	29512	26456	23814	21824	21481	24469	13963	14791	23547	25555
AT1G20950.1	Phosphofructokinase family protein	9.37E-02	1.22	337	8	3	13560	14409	16934	14327	22564	19433	11552	13142	12971	12568	18034	14680
AT5G57820.1	zinc ion binding	9.39E-02	1.22	34	1	1	4588	4824	8771	8181	6685	6021	7182	7232	6891	8168	8856	9413
AT1G58520.2	RXW8 - lipases;hydrolases, acting on ester bonds	9.39E-02	1.24	27	1	1	13710	14311	9931	12079	12929	18030	14059	12546	11439	8393	8721	10291
AT1G62080.1	unknown protein	9.43E-02	1.92	23	1	1	28329	23994	47594	49693	2146	1912	25826	29977	83710	70005	42629	42958
AT4G24200.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	9.43E-02	1.18	96	1	1	5919	5835	7033	5520	6093	7082	4856	4753	5129	3694	6733	6495
AT5G39410.1	Saccharopine dehydrogenase	9.44E-02	1.48	93	1	1	8187	9546	14336	10741	16861	16067	12089	12693	8970	9607	4033	3840
AT2G25670.1	unknown protein	9.46E-02	2.19	222	3	3	11585	12401	10949	7164	25461	19589	30475	31177	54867	53795	9959	10732
AT5G35790.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	9.48E-02	1.32	89	2	2	28693	23264	24477	27626	50916	31466	26346	21052	19682	17886	29861	26096
AT5G56360.1	PSL4 - calmodulin-binding protein	9.49E-02	1.37	98	1	1	10743	10795	13047	11461	19315	17565	23772	17466	25725	20870	12309	13082
AT3G01260.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	9.54E-02	1.22	44	2	1	49485	48950	69137	58559	57425	45099	58847	57968	56297	57897	80754	87887
AT1G66200.1	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	9.54E-02	1.28	107	2	2	18597	15434	16045	16371	18700	15958	24636	19947	25940	28158	16483	13986
AT5G44020.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	9.54E-02	1.60	35	1	1	809	723	2929	1492	2594	1834	3079	2261	2010	1426	4411	3419
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	9.63E-02	1.99	521	8	8	91446	87182	130348	125567	264418	238524	303807	294377	542573	485326	121719	113410
AT1G79920.1;AT1G79930.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	9.65E-02	1.26	75	2	1	5447	5415	5278	4413	3634	5063	4555	3536	2306	3057	5379	4368
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	9.66E-02	1.20	390	6	6	66127	65989	78184	65197	72926	57806	59754	70002	73850	90535	102152	89902
AT5G59150.1	ATRABA2D, ATRAB-A2D, RABA2D - RAB GTPase homolog A2D	9.66E-02	1.22	312	7	3	16509	18591	28871	27238	23222	22243	21073	19921	17178	15227	18665	20085
AT1G75990.1	PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	9.71E-02	1.33	325	5	2	6915	7185	7724	7650	8010	8153	6788	7841	6927	7194	2595	2857
AT3G14120.2	unknown protein	9.74E-02	1.64	24	1	1	1431	1043	1834	1292	1451	1254	857	676	63	117	1873	1486
AT1G71270.1	POK, TTD8, ATVPS52 - VpsS2 / Sac2 family	9.75E-02	1.28	381	5	5	74896	77353	117601	95578	48684	43232	103438	97234	106687	105413	79163	92281
AT5G12370.1	SEC10 - exocyst complex component sec10	9.75E-02	1.88	30	1	1	1002	1782	1036	1866	4128	4579	3093	3057	613	487	283	111
AT2G38020.2	VCL1, MAN, EMB258 - vacuoleless1 (VCL1)	9.80E-02	1.51	38	1	1	3519	2686	3669	4545	7580	5383	5921	4119	2312	2144	2259	1361
AT2G31660.1	SAD2, URM9 - ARM repeat superfamily protein	9.95E-02	1.11	914	16	12	387934	396942	489348	371538	329466	346273	434311	426873	387252	472725	439883	421482
AT1G60950.1	FED A, FED2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	9.96E-02	1.36	131	2	2	97427	100506	170764	133855	55737	65893	113848	95717	145953	183944	149122	161704
AT3G48690.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.97E-02	1.79	31	1	1	26	75	246	369	25	54	84	191	395	401	131	219
AT3G44110.1;AT3G44110.2;AT5G22060.1	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	9.97E-02	1.32	348	8	8	835825	800254	1095302	860639	501562	475313	775719	879902	1129937	1457020	881020	903328
AT5G42310.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	9.97E-02	1.17	48	2	2	4142	3428	4718	4618	3162	5213	4324	4449	4973	5144	5875	4778
AT2G35880.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	9.99E-02	2.22	64	1	1	2896	2812	2700	1222	4725	3301	5900	5966	14443	8294	2886	1711
AT3G29185.1;AT3G29185.2	Domain of unknown function (DUF3598)	1.01E-01	1.97	24	1	1	369	270	1252	1327	84	392	379	532	1797	1336	1599	1628
AT5G41790.1	CIP1 - COP1-interactive protein 1	1.01E-01	1.81	643	13	12	382198	465430	392947	352890	206783	179393	463375	499564	1046698	1012115	278011	291321
AT1G21640.1;AT1G21640.2	NADK2, ATNADK2 - NAD kinase 2	1.02E-01	1.39	96	2	2	5184	4966	6268	6473	4426	4557	6880	5813	4294	6151	11041	10068
AT4G16390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	1.02E-01	1.39	307	5	5	25998	27226	38679	29137	54395	54705	30809	33955	28291	31726	20159	20789
AT5G08590.1	ASK2, SNRK2-1, SNRK2.1, SRK2G - SNF1-related protein kinase 2.1	1.02E-01	1.74	338	3	3	73485	73241	102655	93165	10629	8824	80266	77401	154387	163465	73179	79701
AT3G62560.1	Ras-related small GTP-binding family protein	1.02E-01	1.26	145	3	1	1301	1479	1487	1435	942	1376	1649	1199	762	918	1113	731
AT3G61140.1	FUS6, ATFUS6, CSN1, COP11, EMB78, ATSK31, SK31 - 26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome com	1.02E-01	1.43	93	2	2	22386	22035	38106	28980	34716	35015	28585	27380	23364	28835	8174	10174
AT5G64040.1	PSAN - photosystem I reaction center subunit PSI-N, chloroplast, putative / PSI-N, putative (PSAN)	1.03E-01	1.32	77	3	3	26268	30363	22762	22098	41327	34911	32077	25087	22790	24255	13624	17064
AT3G61870.2;AT3G61870.1	unknown protein	1.03E-01	1.87	58	1	1	5650	5436	7031	7599	19450	14314	11605	11023	4220	4224	365	427
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.03E-01	1.41	68	1	1	8798	11022	6500	6863	6528	6758	1875	4220	5461	5158	6886	9396
AT5G14040.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	1.04E-01	1.46	366	6	6	99022	103438	157147	150869	219857	239154	162848	158108	68439	71531	104160	98112
AT4G10590.1;AT4G10570.1	UBP10 - ubiquitin-specific protease 10	1.04E-01	1.84	49	1	1	1871	2144	2367	1392	4184	4446	2322	1871	182	1019	1537	1963
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.05E-01	1.20	171	3	3	63622	51035	75614	63702	58986	52944	46324	43462	40655	40723	60241	72420
AT2G17380.1;AT4G35410.2	AP19 - associated protein 19	1.05E-01	1.20	90	2	2	26424	25713	36822	28749	29950	22045	34811	31125	39677	42370	27036	28606
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	1.05E-01	1.23	1342	18	18	601752	587998	696699	631530	839277	773868	724124	710817	390270	384854	600758	549414
AT5G65840.1	Thioredoxin superfamily protein	1.05E-01	1.18	38	1	1	17312	13813	24089	17610	23366	19866	22892	19010	26421	24431	23859	20224
AT1G80460.1	NHO1, GLI1 - Actin-like ATPase superfamily protein	1.05E-01	2.69	32	1	1	73	169	868	835	92	174	299	396	79	48	0	0
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	1.06E-01	1.23	180	3	3	22795	28401	37707	32978	21490	23751	31421	24203	34279	39351	40503	35241
AT3G16060.1	ATP binding microtubule motor family protein	1.06E-01	1.38	79	2	2	11999	17735	23040	16604	10498	13263	17348	17578	26028	35131	16014	16451
AT5G35980.1	YAK1 - yeast YAK1-related gene 1	1.06E-01	2.17	35	1	1	1498	1128	932	643	560	548	574	492	641	736	0	0
AT2G19860.1	ATHXK2, HXK2 - hexokinase 2	1.06E-01	1.26	192	3	2	32328	35545	55834	51092	37974	42242	27024	37485	22640	34712	42487	38536
AT4G23310.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.06E-01	2.13	23	1	1	3171	4326	1133	1804	1749	1755	1741	1630	39	8	1549	1586
AT3G06710.1	unknown protein	1.06E-01	2.09	22	1	1	8585	7604	13223	13476	1661	1004	11153	12229	27661	30980	6841	7172
AT4G37820.1	unknown protein	1.07E-01	1.22	94	1	1	4874	5600	7648	5496	7990	7754	5497	6259	5999	5302	4070	5066
AT3G51420.1;AT3G51430.1	SSL4, ATSSL4 - strictosidine synthase-like 4	1.07E-01	1.92	126	3	3	10102	12557	14173	14527	39798	40893	14972	11915	5006	4563	15969	16332
AT5G05390.1	LAC12 - laccase 12	1.07E-01	1.47	20	1	1	19333	16753	45376	23269	7220	6714	20917	18519	32387	31910	36216	33956
AT1G35580.1	CINV1 - cytosolic invertase 1	1.07E-01	1.42	35	1	1	1271	1289	1174	1279	2664	1849	1196	1059	754	579	1459	1646
AT3G52200.2;AT3G52200.1	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	1.07E-01	1.35	320	4	4	55689	53187	80640	59595	27171	26801	53962	51491	85589	79824	74078	63097
AT2G31010.1;AT3G58640.1	Protein kinase superfamily protein	1.07E-01	1.54	27	1	1	1078	1157	1784	1809	1049	1541	821	1181	747	179	1264	1283
AT3G52140.3;AT3G52140.1;AT3G52140.2	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	1.08E-01	1.37	148	3	3	17078	15838	19177	17846	37601	29773	16245	19884	16927	17799	14993	14424
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	1.09E-01	1.46	65	1	1	3781	4044	9802	10537	2514	2782	5345	5042	8690	8944	10693	10168
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.09E-01	1.28	427	6	5	56393	55405	67201	54788	41119	41189	56223	55224	48986	64590	92358	86122
AT5G36230.1	ARM repeat superfamily protein	1.09E-01	1.20	59	2	2	8053	7366	11863	7884	8022	6686	8083	6054	6761	5816	7389	7590
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	1.09E-01	1.28	150	2	2	21128	24320	36574	27942	26444	23953	29489	35659	44139	44739	25590	24917
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	1.09E-01	1.18	20	1	1	6087	6647	8424	7137	5466	5591	5538	5073	4462	4910	6516	6807
AT5G06450.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	1.09E-01	1.21	39	1	1	2712	3564	5001	4266	4431	4771	4335	4368	4218	6121	5948	5040
AT3G02540.1	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	1.10E-01	2.00	100	1	1	16404	12246	5096	4407	4717	3907	4608	6502	638	848	5166	5578
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	1.11E-01	1.21	39	1	1	4953	4891	4445	4502	2630	2751	3992	4915	4710	5493	5266	4983
AT3G18860.1;AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.11E-01	1.27	62	2	2	3127	3779	3627	2276	4479	3941	3273	3350	2019	2041	2626	3386
AT1G43560.1	Aty2, ty2 - thioredoxin Y2	1.11E-01	1.20	58	1	1	20130	19308	25017	17995	18792	19687	17301	17859	10950	12674	20868	20866
AT2G21280.1	GC1, ATSULA, SULA - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.12E-01	2.01	43	1	1	1449	840	1224	989	1099	1207	422	1091	8	544	794	522
AT1G32550.1	FdC1 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	1.13E-01	4.04	50	1	1	967	479	880	862	527	92	2184	2121	4994	5433	334	305
AT1G54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	1.13E-01	1.21	57	1	1	8369	9866	11870	11143	7501	7483	9654	8794	7218	7046	7726	6097
AT1G65540.1	LETM1-like protein	1.13E-01	1.18	289	5	5	56051	63980	59413	49858	38581	42473	45286	46797	37857	44372	44337	44845
AT4G29130.1	ATHXK1, GIN2, HXK1 - hexokinase 1	1.14E-01	1.23	333	6	5	97892	91403	149191	126687	95536	85144	77252	78494	67159	88328	104331	108798
AT4G29220.1;AT4G26270.1	PFK1 - phosphofructokinase 1	1.15E-01	1.26	194	5	4	7649	8439	8670	8684	12718	12998	10676	9260	15922	16504	10488	11829
AT2G07776.2	unknown protein	1.15E-01	1.38	26	1	1	206	152	505	353	507	594	671	628	557	386	453	494
AT3G12050.1	Aha1 domain-containing protein	1.16E-01	1.32	69	1	1	3444	3591	6870	5772	4962	5645	3147	3045	2464	4342	4838	5072
AT2G42320.1	nucleolar protein gar2-related	1.16E-01	1.09	245	4	4	35449	31922	35585	32777	28367	34284	36867	33067	32492	37082	35418	41850
AT3G51460.1	RHD4 - Phosphoinositide phosphatase family protein	1.16E-01	1.34	56	1	1	4471	4323	8756	6037	5215	6049	4721	5372	2195	3323	6015	4346
AT2G43790.1	ATMPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	1.16E-01	1.17	350	5	5	179966	188403	246388	188607	149485	152227	148853	141868	139265	150720	183765	177135
AT3G13160.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.17E-01	1.46	94	1	1	5693	7402	9348	11902	14967	14979	10541	8380	6410	5053	9165	4507

AT3G05625.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.17E-01	1.31	108	2	1	22906	24310	35758	32239	19477	23311	24912	28977	25434	33958	47693	45566
AT4G01370.1;AT1G01560.1;AT1G01560.2	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	1.17E-01	1.08	328	7	7	105470	106695	126716	117723	109743	107191	102468	94642	94148	118319	106909	106669
AT2G36780.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.17E-01	1.48	27	1	1	272	1308	2893	3327	175	95	2423	789	2090	2110	2360	2185
AT1G11260.1	STP1, ATSTP1 - sugar transporter 1	1.17E-01	1.41	53	1	1	10867	11966	16269	11536	19632	23588	15763	13591	5174	7885	12429	11624
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	1.18E-01	1.78	117	2	2	12464	13701	8551	8446	32659	29633	7219	9732	7328	6634	15607	12606
AT5G04440.1	Protein of unknown function (DUF1997)	1.18E-01	1.31	40	1	1	5112	5307	5332	5485	7709	8009	5712	6976	4156	2141	4792	4352
AT3G08580.1;AT4G28390.1;AT5G13490.1	AAC1 - ADP/ATP carrier 1	1.18E-01	1.24	568	9	9	412852	407604	573472	482035	594232	656418	485297	480599	284513	324410	490652	464162
AT5G23510.1	unknown protein	1.18E-01	1.37	71	1	1	6113	3898	4104	5714	8550	6162	4210	3403	2651	2370	5493	7011
AT1G53210.1	sodium/calcium exchanger family protein / calcium-binding EF hand family protein	1.19E-01	1.28	90	2	2	47097	52917	87836	100648	53136	54419	102231	95084	62330	61200	91061	96314
AT5G62600.1	ARM repeat superfamily protein	1.19E-01	1.34	98	2	2	13858	12964	19191	18548	20709	20668	26719	20132	7085	7251	9215	8768
AT3G54170.1	ATFIP37, FIP37 - FKBP12 interacting protein 37	1.20E-01	1.27	123	2	2	15833	16485	17162	13827	16456	15147	18206	17565	20391	32703	14707	16516
AT5G66680.1	DGL1 - dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48kDa subunit family protein	1.20E-01	1.27	132	2	2	23890	23045	45452	39662	14562	15618	33750	30661	39003	36841	32856	33436
AT3G02720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.20E-01	1.42	33	1	1	3316	3952	5994	2299	4830	4400	2195	1779	1454	2097	5902	4010
AT5G50950.2;AT5G50950.1	FUM2 - FUMARASE 2	1.20E-01	1.18	145	2	2	40661	37596	42686	43236	30058	32233	28976	27850	25329	29241	40406	40096
AT5G13270.1	RARE1 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.20E-01	2.90	31	1	1	161	149	38	29	415	358	139	55	0	109	93	0
AT1G68890.1	magnesium ion binding;thiamin pyrophosphate binding;hydro-lyases;catalytics;2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydro	1.21E-01	1.39	105	1	1	2507	3417	2417	3950	5126	4971	1828	3176	1488	3655	2764	3207
AT3G08840.2;AT3G08840.1;AT3G08840.3	D-alanine--D-alanine ligase family	1.21E-01	1.17	513	10	10	110030	100604	157791	119491	117864	105757	102717	107761	79731	87144	117156	114722
AT5G52840.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	1.21E-01	1.68	90	2	2	16020	12155	20397	12707	13852	8474	16813	13871	49167	30822	17107	12266
AT1G02080.1	transcription regulators	1.21E-01	1.35	136	4	4	15526	14038	16238	16217	25122	27582	17962	17271	7648	10281	16783	15238
AT1G32220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.23E-01	1.72	85	2	2	4250	4918	2857	3074	10233	10541	3825	3662	2323	2740	3988	4305
AT3G10420.2;AT3G10420.1	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.24E-01	1.14	254	5	5	92676	89864	98068	70348	73230	77373	67476	72431	60303	91150	73025	74979
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	1.24E-01	1.26	217	2	2	94810	91973	116087	105501	62179	64443	82602	83971	117819	144897	125389	118509
AT2G45820.1	Remorin family protein	1.25E-01	2.02	116	2	2	26559	27526	10929	11304	51035	42183	23106	23569	19632	16110	1066	412
AT3G11230.2	Yippee family putative zinc-binding protein	1.26E-01	1.31	22	1	1	5457	6337	3721	3802	4001	3867	4367	4815	4210	3323	1940	2026
AT5G17690.1	TFL2, LHP1 - like heterochromatin protein (LHP1)	1.26E-01	1.21	87	1	1	8183	7084	7018	6109	7769	5698	3826	3820	6853	6546	6543	6871
AT1G53440.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	1.26E-01	3.91	21	1	1	367	470	66	390	398	1223	1265	1165	4237	4242	293	196
AT1G55040.1	zinc finger (Ran-binding) family protein	1.26E-01	3.46	29	1	1	15190	11805	13202	13818	7057	4035	33004	38141	71208	71692	4951	5954
AT5G01750.2;AT5G01750.1	Protein of unknown function (DUF567)	1.26E-01	6.39	42	1	1	144	84	129	102	191	124	103	164	2079	2303	177	111
AT5G54440.1	CLUB, AtTRS130 - CLUB	1.26E-01	1.13	242	5	5	15637	17132	19164	21153	20718	24248	18882	18070	17515	16521	17398	15970
AT5G04140.1;AT5G04140.2	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	1.26E-01	1.22	389	6	6	30248	34252	30687	29998	17737	19245	26889	29323	29227	34349	37924	39999
AT2G07707.1	Plant mitochondrial ATPase, F0 complex, subunit 8 protein	1.27E-01	1.60	94	2	2	7739	7901	10361	7176	22797	19132	11372	12025	5610	5726	6000	6076
AT3G07460.2;AT3G07460.1;AT3G07470.1	Protein of unknown function, DUF538	1.27E-01	2.89	54	2	2	53	375	145	242	741	569	175	220	1887	2266	769	838
AT1G30630.1;AT2G34840.1	Coatomer epsilon subunit	1.27E-01	1.19	341	5	5	55679	54269	107059	77130	65264	59845	72128	66678	91014	92935	89511	88443
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	1.27E-01	1.16	851	11	11	328813	330786	510980	423926	459655	432869	360783	373971	306860	344228	390033	375213
AT1G73430.1	sec34-like family protein	1.27E-01	1.37	158	5	4	8243	8325	12411	10767	17117	14789	12231	10554	5973	4458	9349	9855
AT1G24460.1	unknown protein	1.27E-01	3.71	73	1	1	15542	15757	3844	4818	68764	62051	14729	13616	4024	4939	4251	4416
AT3G08010.1	ATAB2 - RNA binding	1.27E-01	1.33	29	1	1	4508	4287	8754	6637	7595	9116	6083	4631	3838	4648	6054	5559
AT2G01950.1	VH1, BRL2 - BRI1-like 2	1.27E-01	3.87	23	1	1	291	205	0	983	76	0	89	419	4678	462	162	203
AT4G01883.1	Polyketide cyclase / dehydrase and lipid transport protein	1.27E-01	1.32	28	1	1	3852	4698	5286	4220	2461	3563	3513	3487	2217	1642	4336	3009
AT2G30800.1	HVT1, ATVT-1 - helicase in vascular tissue and tapetum	1.29E-01	1.52	30	1	1	3925	5112	3014	3042	6312	4683	4632	4317	3276	3584	547	769
AT1G12900.1;AT1G12900.2	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	1.29E-01	1.17	1273	13	3	272630	264890	262302	238030	201695	184892	208423	204692	160502	160511	239225	239553
AT5G19450.1	CDPK19, CPK8 - calcium-dependent protein kinase 19	1.29E-01	1.35	52	1	1	2641	2641	3217	3046	3783	4337	3049	4812	2062	2565	1036	1001
AT1G27400.1	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	1.29E-01	1.23	53	1	1	6490	7498	10835	6864	5864	6317	5092	5892	7261	7189	5927	4395
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	1.29E-01	1.34	59	2	2	11058	10001	11944	6548	8018	11569	3822	6355	7823	12453	3708	9886
AT3G09740.1	SYP71, ATSYP71 - syntaxin of plants 71	1.30E-01	1.37	46	1	1	2977	4250	4812	4387	5563	6028	5060	7073	3080	1740	2167	1346
AT1G08970.1;AT1G54830.1	HAP5C, NF-YC9 - nuclear factor Y, subunit C9	1.30E-01	1.32	127	2	2	54035	61360	62535	42509	112260	67692	51164	52121	51663	61096	49570	37895
AT5G24879.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa ·	1.30E-01	2.61	21	1	1	805	719	517	478	3935	3366	967	1427	504	376	269	215
AT4G21150.1;AT4G21150.2	HAP6 - ribophorin II (RPN2) family protein	1.30E-01	1.23	481	8	8	67125	67805	100629	78683	92295	95126	83340	81151	43161	50943	73253	77437
AT2G29550.1	TUB7 - tubulin beta-7 chain	1.31E-01	1.26	1810	26	1	4091	3265	8224	6828	5885	3907	6106	6118	5394	6370	8730	7823
AT5G16110.1	unknown protein	1.31E-01	1.22	24	1	1	10299	9394	6790	7612	12844	10510	7121	6848	9402	9500	6678	7494
AT5G05170.1	CESA3, IXR1, ATCESA3, ATH-B, CEV1 - Cellulose synthase family protein	1.31E-01	1.49	60	1	1	10469	9784	11538	11800	23236	25503	12804	14562	5597	8860	11299	8844
AT1G09970.1	LRR XI-23, RLK7 - Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	1.31E-01	1.71	33	1	1	987	833	1575	1624	2249	4092	1014	1484	810	1066	1142	1126
AT5G61500.1	ATATG3, ATG3 - autophagy 3 (APG3)	1.31E-01	1.69	28	1	1	1380	2610	1950	3318	1817	777	2568	2072	6812	4669	1680	2274
AT3G12720.1	ATY53, ATMYB67, MYB67 - myb domain protein 67	1.31E-01	1.49	21	1	1	2341	4089	2824	4672	4033	4063	5575	5765	3813	2377	7507	7830
AT1G43700.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	1.32E-01	1.21	226	4	3	91063	95286	63756	59423	93315	89455	77746	87393	56962	70310	57270	56696
AT3G09560.1	ATPAH1, PAH1 - Lipin family protein	1.32E-01	1.53	175	4	4	20148	20344	15994	17848	21382	19715	26285	24283	50398	43826	14975	17288
AT1G75780.1	TUB1 - tubulin beta-1 chain	1.32E-01	1.41	1579	26	1	8922	6367	4240	5706	11015	5237	5493	5492	5416	2352	4206	6419
AT4G19490.1	ATVPS54, VPS54 - VPS54	1.32E-01	1.43	212	4	4	8320	8652	12481	10040	18813	20528	12050	13615	5815	7897	8091	7615
AT5G42790.1	PAF1, ATPSM30, ARS5 - proteasome alpha subunit F1	1.33E-01	1.20	101	1	1	187075	182141	161302	149153	260234	179635	210069	226699	284309	268617	168826	189151
AT3G53610.1;AT5G59840.1	ATRAB8, AtRab8B, AtRABE1a, RAB8 - RAB GTPase homolog 8	1.34E-01	1.23	63	1	1	10284	9546	17405	14042	10043	9832	9763	9711	7703	9510	10374	10996
AT2G46820.1	PTAC8, TMP14, PSAP, PSI-P - photosystem I P subunit	1.34E-01	1.67	120	1	1	88248	82041	106387	81983	174291	155335	100265	104571	96589	109537	1074	1259
AT1G09310.1	Protein of unknown function, DUF538	1.34E-01	1.42	64	1	1	2790	3568	8094	5580	1084	851	4601	3645	3974	6020	6569	6378
AT1G20200.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	1.34E-01	1.14	584	8	5	61098	60057	59515	64405	60445	70105	65298	61503	68214	48733	40614	44641
AT5G28850.2;AT1G54450.1;AT5G28850.1;AT5G	Calcium-binding EF-hand family protein	1.35E-01	1.20	323	5	4	130780	116659	113595	121280	171831	157418	128101	135046	85286	81797	121749	126699
AT1G11530.1	ATOXS1, OXS1 - C-terminal cysteine residue is changed to a serine 1	1.35E-01	1.40	44	1	1	1407	811	603	889	887	480	1153	1037	1662	577	1368	1320
AT4G17170.1	AT-RAB2, ATRABB1C, ATRAB2A, RAB2A, RABB1C, ATRAB-B1B, RAB-B1B - RAB GTPase homolog B1C	1.35E-01	1.33	119	4	3	4107	2939	2492	2836	4271	5077	5754	5266	5483	6148	3451	2831
AT4G26110.1	NAP1;1, ATNAP1;1 - nucleosome assembly protein1;1	1.35E-01	1.20	65	2	1	12558	11260	8142	7763	10530	11047	8871	9923	6113	6906	8449	10609
AT4G08320.2;AT4G08320.1	TPR8 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.36E-01	1.39	34	1	1	25165	24317	40121	24042	18678	17806	14465	12635	7831	8747	33062	31453
AT2G44820.1	unknown protein; Has 70 Blast hits to 70 proteins in 25 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 9; Fungi - 4; I	1.37E-01	1.38	20	1	1	23490	29618	13050	18087	21587	23830	23694	26274	7487	6533	15375	14271
AT5G40820.1	ATRAD3, ATR, ATATR - Ataxia telangiectasia-mutated and RAD3-related	1.37E-01	1.21	21	1	1	6139	6201	6079	6618	7968	7061	6025	7018	5368	3104	7250	4443
AT2G36160.1	Ribosomal protein S11 family protein	1.37E-01	1.48	145	2	2	17969	18220	12094	14488	20020	19582	15591	21500	15252	13570	1607	1539
AT5G58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	1.37E-01	1.40	404	5	2	114434	110882	68936	63777	155239	158331	85448	87366	53588	70905	84217	98682
AT4G33230.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	1.37E-01	1.29	21	1	1	25240	23368	13540	13331	21865	17099	16057	19822	10796	9988	15549	16252
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	1.37E-01	1.11	396	9	8	26679	28181	38633	31154	38668	37643	38118	35826	37046	38028	37046	36159
AT3G12260.1	LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	1.37E-01	1.21	86	2	2	4991	4405	5774	4058	5846	5031	3303	4037	4149	4495	2492	6304
AT5G41770.1	crooked neck protein, putative / cell cycle protein, putative	1.38E-01	1.29	70	1	1	22039	16653	17396	13271	32417	23595	17620	16809	16035	16284	12590	17537
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	1.38E-01	1.17	323	6	5	38836	38984	37154	35449	35480	30807	26981	24242	23420	26075	42762	41422
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.38E-01	1.45	75	1	1	31255	29709	29623	29595	37682	32579	32222	34851	30165	27445	3252	3223
AT5G66570.1;AT3G50820.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	1.38E-01	3.53	83	2	2	1023	227	518	726	9935	5714	4963	4282	26987	25690	1233	897
AT1G01470.1	LEA14, LSR3 - Late embryogenesis abundant protein	1.39E-01	1.42	83	2	2	2575	1711	6204	5816	340	314	2835	2763	4169	4939	5044	4302
AT5G22780.1	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	1.39E-01	1.41	741	15	1	10968	9919	8098	7199	9581	13267	8897	9539	1782	3036	8774	9826
AT3G14840.2	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	1.39E-01	2.32	38	1	1	162	237	196	592	191	118	166	700	172	269	1306	864
AT5G35170.1;AT5G35170.2	adenylate kinase family protein	1.40E-01	1.10	487	10	9	176249	181390	185463	159856	207468	179753	158971	151133	144661	150922	193912	190683
AT3G02230.1;AT3G08900.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	1.40E-01	1.24	259	6	3	43730	44071	37012	28863	58912	51150	33617	38514	26940	30406	41824	41726
AT1G27970.1;AT1G27970.2	NTF2B - nuclear transport factor 2B	1.40E-01	1.09	425	5	5	243271	233154	249161	234001	210700	217295	200523	209227	176453	209347	240030	240666
AT1G65440.3;AT1G65440.1;AT1G65440.2	GTB1 - global transcription factor group B1	1.40E-01	1.27	74	1	1	2943	2742	4659	3597	2815	1842	3264	3684	2851	3764	5672	4462
AT3G04550.1	unknown protein	1.40E-01	1.19	159	3	3	66803	62826	70434	54463	46619	36343	55472	56366	81506	67710	69731	71056
AT3G18430.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.41E-01	1.42	87	2	2	6846	9095	8461	8100	14095	16784	10631	11344	8071	6674	4502	3411
AT3G26030.1	ATB' DELTA - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B prime delta	1.41E-01	1.29	28	1	1	2747	3450	3850	4358	4945	5328	4342	4455	1966	2030	3595	2701
AT1G17050.1;AT1G78510.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	1.41E-01	1.16	120	3	3	16654	17209	18898	19406	15069	11754	15346	16770	13278	11874	13980	13945
AT4G32940.1	GAMMA-VPE, GAMMAVPE - gamma vacuolar processing enzyme	1.42E-01	1.47	79	2	1	5098	5226	3966	2370	3073	1692	2309	3694	2246	2538	1717	2094
AT3G51880.1	HMGB1, NFD1 - high mobility group B1	1.42E-01	1.32	47	1	1	2908	2574	831	514	275	291	1353	1405	1255	1492	2219	2068
AT1G65820.1	microsomal glutathione s-transferase, putative	1.43E-01	1.95	27	1	1	5683	4596	5640	6286	19909	21403	7968	7559	2361	3412	6169	5033
AT1G01910.1;AT1G01910.3;AT1G01910.5	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.43E-01	1.18	195	3	3	44557	52846	73214	60892	69644	68023	57306	62522	41310	50660	46863	55193
AT4G04720.1;AT3G20410.1	CPK21 - calcium-dependent protein kinase 21	1.43E-01	1.32	53	1	1	7478	9865	11701	10977	18662	15382	10492	12349	7300	10144	8007	7998

AT1G76400.1	Ribophorin I	1.44E-01	1.57	39	1	1	373	320	601	697	1357	1527	1237	1164	242	466	0	0
AT5G08740.1	NDC1 - NAD(P)H dehydrogenase C1	1.44E-01	1.14	124	3	3	19824	19362	25055	22160	24511	21248	19801	15775	17604	16004	21660	25358
AT5G47030.1	ATPase, F1 complex, delta/epsilon subunit	1.44E-01	1.46	37	1	1	12108	9920	16787	14830	2693	2603	9427	9850	18720	19126	14254	14529
AT5G11980.1	conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	1.44E-01	1.76	48	1	1	2302	1948	1716	1306	4920	5412	2747	2961	371	339	1889	1674
AT5G56500.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.44E-01	1.23	210	4	1	713	649	1562	1155	824	734	889	1053	1021	1335	1358	1275
AT4G15410.1	PUX5 - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B prime gamma	1.45E-01	1.23	83	2	2	24835	23227	19056	15997	17449	20635	24423	24756	33072	29365	17213	19671
AT5G16370.1	AAE5 - acyl activating enzyme 5	1.45E-01	2.27	54	2	2	255	394	331	965	2507	2593	1431	1564	5455	5976	881	679
AT3G53900.2	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	1.45E-01	1.37	103	2	2	2827	3206	2991	3635	1624	1841	3682	2601	1367	1693	939	1465
AT2G01350.2;AT2G01350.1;AT2G01350.4	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	1.45E-01	1.14	128	3	3	21288	21020	32102	25808	30548	27898	33078	31072	32901	30104	28496	24618
AT3G51310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	1.45E-01	1.25	519	9	8	29232	36458	59553	36535	55474	57787	51015	54091	53353	84800	48978	50214
AT1G70600.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	1.46E-01	1.41	120	2	1	14024	13721	24162	25332	1992	2242	19617	18901	22572	22622	15624	15877
AT2G15300.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.46E-01	1.72	26	1	1	3993	3052	7676	8446	13165	12019	11948	10183	27633	19640	8134	5672
AT4G32640.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.46E-01	1.20	156	4	2	22749	23275	24722	26466	27344	24866	15852	16327	13791	16307	30922	31281
AT5G62860.1	F-box associated ubiquitination effector family protein	1.47E-01	1.66	22	1	1	15717	13070	57652	39433	480	1647	10029	20374	65762	43124	40056	33347
AT4G35100.1;AT5G60660.1	PIP3, PIP3A, PIP2;7, SIMIP - plasma membrane intrinsic protein 3	1.47E-01	2.46	160	3	2	57581	49889	48680	45753	309935	263805	91944	99627	24469	26502	35218	37430
AT5G41600.1	BTI3, RTNLB4 - VIRB2-interacting protein 3	1.47E-01	1.88	33	1	1	469	684	1651	2144	1227	2859	1377	1402	241	173	702	918
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	1.48E-01	1.13	1285	15	15	1505694	1467969	1680988	1563685	1221643	1244558	1491133	1463994	1389837	1633840	1953626	1900151
AT1G26560.1	BGLU40 - beta glucosidase 40	1.48E-01	1.15	199	3	3	32733	28320	26996	30071	24859	28237	30066	34694	21523	19414	21115	22050
AT3G26570.1	PHT2;1, ORF02 - phosphate transporter 2;1	1.48E-01	2.21	68	1	1	2298	1769	3100	2420	12265	9314	3898	3773	873	1209	2219	2135
AT1G60430.1	ARPC3 - actin-related protein C3	1.49E-01	1.25	51	1	1	2231	2065	3703	2788	3798	3631	2669	2603	1778	1982	2753	2739
AT1G55280.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	1.49E-01	1.42	27	1	1	975	1476	882	1945	2928	3170	3781	2747	763	571	88	40
AT5G51220.1	ubiquinol-cytochrome C chaperone family protein	1.49E-01	2.17	29	1	1	1185	513	1247	610	1733	1457	627	700	0	87	661	1032
AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	1.49E-01	167009.52	97	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	287	1734	0	0
AT3G54350.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	1.50E-01	1.28	40	1	1	42224	34909	24473	25839	49945	49074	28982	34300	28098	25587	32751	27481
AT1G04400.1	CRY2, FHA, AT-PHH1, PHH1, ATCRY2 - cryptochrome 2	1.50E-01	1.43	43	1	1	1038	964	2442	1397	1594	1154	1144	1363	692	353	1124	1339
AT2G18960.1;AT1G17260.1;AT2G07560.1;AT2G	AHA1, PMA, OST2, HA1 - H(+)-ATPase 1	1.51E-01	1.15	874	13	2	69772	78289	85428	83469	73621	64503	73047	75937	45631	55407	73102	73663
AT2G45470.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	1.52E-01	1.24	74	1	1	3889	4094	3664	4484	2779	2369	2865	2230	2216	3262	3984	2613
AT4G17140.1	pleckstrin homology (PH) domain-containing protein	1.52E-01	3.20	43	1	1	481	354	516	249	3697	2147	620	557	313	160	354	325
AT1G74960.1	FAB1, KAS2, ATKAS2 - fatty acid biosynthesis 1	1.53E-01	1.17	260	5	5	88679	96202	133111	109448	135099	133418	120394	118938	79070	89726	93875	91072
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	1.53E-01	1.20	593	10	9	57527	62412	95388	77794	47409	42214	65298	63550	76191	81802	89104	81593
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	1.53E-01	1.49	112	3	3	4875	4248	9545	7716	22991	21579	17145	15352	25656	27273	12227	8360
AT2G17440.1	PIRL5 - plant intracellular ras group-related LRR 5	1.53E-01	1.44	21	1	1	5851	6530	10169	9347	1656	547	8864	6209	6756	8685	9860	8767
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	1.53E-01	1.08	254	5	5	54857	52964	62130	60272	63003	63484	63763	67172	53423	65963	65765	69091
AT1G12230.1	Aldolase superfamily protein	1.53E-01	1.26	88	1	1	5148	6225	8618	5729	9247	7507	9015	7974	10350	12874	6097	7192
AT4G27600.1	NARA5 - pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.53E-01	2.72	169	2	2	768	1700	394	1058	4462	3911	5606	7020	10041	9018	775	965
AT1G79940.1	ATERDJ2A - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	1.54E-01	1.53	32	1	1	2171	2719	7630	5829	4085	5374	4159	4900	1562	1531	3010	2968
AT3G63130.1	RANGAP1, ATRANGAP1 - RAN GTPase activating protein 1	1.54E-01	1.36	61	1	1	15586	16966	14406	11244	6742	7695	7920	10252	10744	9295	8034	6978
AT4G21800.1	QQT2 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.54E-01	1.52	104	2	2	12842	12578	8597	10419	26209	23941	13455	13113	12651	12693	4757	5609
AT4G21180.1	ATERDJ2B - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	1.54E-01	1.40	26	1	1	1806	2525	3399	3068	4039	5027	3161	4165	1429	1669	1147	2622
AT1G74600.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	1.55E-01	1.25	32	1	1	22611	24476	43890	35783	35035	35632	27837	36194	17222	25163	27396	24145
AT4G39350.1	CESA2, ATH-A, ATCESA2 - cellulose synthase A2	1.55E-01	1.19	28	1	1	27854	29368	40505	29980	32160	38425	47192	39447	36738	51095	32541	29137
AT4G35230.1	BSK1 - BR-signaling kinase 1	1.55E-01	1.19	100	4	2	6971	6336	8250	8902	9065	9232	9314	6688	4797	5156	7646	7530
AT5G13970.1	unknown protein	1.56E-01	1.97	79	2	2	21849	20073	8549	9579	53717	39946	20169	17622	10657	10068	8794	10905
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	1.56E-01	1.22	309	6	6	169469	159109	190078	174996	287341	256667	186285	182192	177187	201795	131254	132148
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	1.56E-01	1.25	49	1	1	39082	40958	41726	46585	33110	31996	32921	29257	21171	14202	41197	47614
AT5G09860.2	THO1 - nuclear matrix protein-related	1.57E-01	1.19	76	1	1	28390	30003	28317	21304	21337	22051	28342	26402	27032	45226	25882	27801
AT3G53990.2;AT3G53990.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.57E-01	1.22	43	2	1	41781	43523	50134	44041	26164	28094	36539	33027	28664	28519	33139	31199
AT5G58030.1	Transport protein particle (TRAPP) component	1.57E-01	1.21	64	1	1	36078	31767	46518	39616	31437	33665	31474	30350	18193	20993	43062	36659
AT2G05170.1	ATVPS11, VPS11 - vacuolar protein sorting 11	1.57E-01	1.28	69	2	2	4698	4146	5716	5733	8489	6896	5286	4988	2464	3903	4844	6347
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	1.57E-01	1.30	600	7	2	20015	14981	37434	27302	17597	19125	25088	24499	50538	28322	25471	23849
AT3G60240.2	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	1.58E-01	1.25	85	2	2	2837	2455	3080	3002	3174	2135	1433	1130	4076	3013	1900	1789
AT1G70500.1	Pectin lyase-like superfamily protein	1.58E-01	1.37	28	1	1	2477	3204	6865	8406	87	334	3424	4598	4782	4453	6103	5988
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	1.59E-01	1.22	531	7	5	183418	169191	273226	225776	290397	228863	257450	227120	371423	356820	238060	222129
AT5G15490.1;AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	1.59E-01	1.36	38	1	1	1051	890	548	551	924	1094	1030	1020	251	413	379	616
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	1.59E-01	1.42	88	2	2	34514	33545	22356	20131	13461	12270	16067	15944	14440	13468	18844	16916
AT5G55750.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1.61E-01	1.24	31	1	1	3359	2777	4412	3841	2385	2414	2811	3016	3733	4270	5155	4893
AT3G11630.1	Thioredoxin superfamily protein	1.61E-01	1.21	422	6	2	19694	21754	27398	24756	15600	17573	23729	24086	19165	21315	32429	32145
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	1.63E-01	1.38	68	1	1	10925	11757	24532	23134	1203	523	12853	13023	19421	18941	17910	17195
AT4G02080.1	ASAR1, ATSARA1C, ATSAR2, SAR2 - secretion-associated RAS super family 2	1.63E-01	1.32	237	4	2	17397	18232	16969	11149	13127	9297	13169	10516	5247	6394	14020	15938
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	1.63E-01	1.33	287	4	3	36713	34057	58404	42006	14098	16110	33472	36117	35767	46535	58415	56667
AT1G21750.2	ATPDIL1-1, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	1.63E-01	1.43	27	1	1	2825	5483	4816	4204	1640	3706	3839	1658	2233	2753	2480	2891
AT4G21100.1	DDB1B - damaged DNA binding protein 1B	1.64E-01	1.53	67	2	2	2681	2529	3285	3196	6184	6844	2874	3073	1027	548	4817	3799
AT1G59830.1;AT1G59830.2	PP2A-1 - protein phosphatase 2A-2	1.64E-01	1.32	263	5	1	2576	2848	4910	3712	2748	2679	3461	4241	2903	3061	7017	5070
AT1G14570.1	UBX domain-containing protein	1.64E-01	1.67	29	1	1	19235	19161	10553	10060	40750	33508	20384	22909	14893	12225	4902	4636
AT2G36301	PY_THIC - thiaminC	1.64E-01	1.07	469	10	9	137191	129438	137383	123004	154456	147189	135845	137997	160154	141436	149926	161845
AT5G01600.1	ATFER1, FER1 - ferretin 1	1.64E-01	1.25	54	1	1	48651	43962	77702	54975	30895	36640	47894	44623	59333	86739	61955	66419
AT1G03475.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-I - Coproporphyrinogen III oxidase	1.65E-01	1.39	48	1	1	5158	6555	3951	2299	4980	5804	5133	5541	1812	2619	3518	2090
AT4G25880.3;AT4G25880.1	APUM6, PUM6 - pumilio 6	1.65E-01	1.32	45	1	1	6976	6575	4486	3566	5762	3441	5602	5823	2764	3654	2141	3313
AT3G46100.1	ATHRS1, HRS1 - Histidyl-tRNA synthetase 1	1.66E-01	1.29	91	2	2	22663	20077	44352	21396	35983	24388	20504	19115	18411	20429	28816	23853
AT1G33810.1	unknown protein	1.68E-01	1.99	36	1	1	2939	2749	3229	2977	7457	6367	5502	5927	15851	17363	2612	3872
AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1.68E-01	1.26	150	3	3	66347	72766	83238	81018	33308	36954	71503	72092	97752	101580	66021	62145
AT1G79050.1	recA DNA recombination family protein	1.69E-01	1.53	54	1	1	4071	5200	4137	2562	2212	1512	3637	2692	669	629	2934	2292
AT1G21580.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	1.69E-01	1.62	23	1	1	2337	2033	1221	1051	4738	3183	2727	2515	1035	1312	679	717
AT1G32080.1	membrane protein, putative	1.69E-01	1.73	109	3	3	3771	4930	8893	10100	20268	13123	7922	9525	2034	2356	7463	6068
AT4G20260.6;AT4G20260.1;AT4G20260.5	PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	1.69E-01	2.04	64	2	2	5638	4811	4225	4127	20309	21445	8291	9383	2728	3813	2804	2655
AT1G10840.1;AT1G10840.2	TIF3H1 - translation initiation factor 3 subunit H1	1.69E-01	1.22	105	3	3	7974	9220	13498	11418	7247	7245	9841	8682	15108	14617	11377	9658
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	1.70E-01	2.04	146	2	1	4165	4685	2636	2391	9761	9082	10432	11166	21038	17818	3030	3326
ATMG00510.1	NAD7 - NADH dehydrogenase subunit 7	1.71E-01	1.18	140	2	2	14702	17222	11895	13850	18180	15810	14424	13205	15471	15919	7918	10440
AT5G27540.1	MIRO1, emb2473 - MIRO-related GTP-ase 1	1.71E-01	1.26	285	5	5	34392	32896	46603	43918	62281	61422	49617	45573	33888	40004	28174	26535
AT4G12700.1;AT2G04280.1	unknown protein	1.71E-01	1.69	71	3	1	635	509	440	648	1003	1450	967	1065	253	430	0	62
AT5G22830.1	ATMGT10, GMN10, MGT10, MRS2-11 - magnesium (Mg) transporter 10	1.71E-01	1.53	44	1	1	5435	6698	5738	8166	4624	3833	4193	8633	12406	15795	5670	5941
AT2G30950.1;AT1G06430.1	VAR2, FTSH2 - FtsH extracellular protease family	1.72E-01	1.23	237	4	4	7282	7443	4715	5843	5523	5077	6997	6324	3010	2956	4740	5117
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	1.72E-01	1.25	102	2	2	13615	15301	18531	13988	7405	9445	15412	13853	22023	20019	13994	12403
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	1.72E-01	1.15	108	2	2	31222	29518	24796	20479	29090	29305	26677	26228	25352	27023	19728	17935
AT1G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	1.72E-01	1.39	164	2	2	20165	23032	31564	26309	55633	42783	34747	36312	19651	17137	21307	14626
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.73E-01	2.15	22	1	1	1341	1953	463	587	3405	3459	900	951	390	126	1485	1367
AT1G31660.1	unknown protein	1.73E-01	1.28	57	1	1	4818	5443	3780	3461	4643	4292	6116	7885	6687	5707	3289	4164
AT2G17787.1	unknown protein	1.73E-01	1.54	24	1	1	7868	8029	4228	3329	2468	2506	3863	3700	12457	11077	6421	6141
AT2G30930.1	unknown protein	1.73E-01	1.37	176	3	3	23384	22148	18023	18191	43929	37840	24116	23924	23888	21062	12032	14070
AT3G46400.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.74E-01	1.49	21	1	1	54837	42255	39975	19705	84579	52756	33433	27682	25230	18110	53247	40240
AT5G03540.1	ATEXO70A1, EXO70A1 - exocyst subunit exo70 family protein A1	1.74E-01	5.96	53	1	1	126	0	39	31	543	396	59	63	0	0	69	0
AT4G29810.2;AT4G29810.1	ATMKK2, MKK2, MK1 - MAP kinase kinase 2	1.74E-01	1.20	67	2	2	16537	15898	18223	16249	24728	25292	16208	17323	10507	15048	18562	19541
AT5G44090.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.75E-01	1.29	264	4	2	8689	11840	15218	8947	9255	10511	10124	9674	4074	3956	12666	9591
AT4G27640.1	ARM repeat superfamily protein	1.75E-01	1.19	320	5	5	34167	27564	38415	28223	31985	26130	39668	31788	23795	25512	18974	16392
AT1G79280.1	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	1.75E-01	1.54	445	11	2	20042	20305	13773	8654	6926	6262	7146	5145	9400	9606	8193	9734

AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.75E-01	1.39	112	2	2	24177	26022	17147	18640	23404	21481	21542	21320	23937	23257	2873	1300
AT5G46110.3;AT5G46110.1	APE2, TPT - Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	1.75E-01	1.78	36	1	1	284	331	467	610	1464	1758	1080	978	236	169	152	142
AT3G63160.1	unknown protein	1.75E-01	4.95	31	1	1	288	136	804	598	19	12	549	342	4796	3305	125	73
AT5G27030.1	TPR3 - TOPLESS-related 3	1.75E-01	1.44	211	4	1	702	838	8743	5350	1857	1563	3188	1879	3250	4399	7411	7329
AT1G62780.1	unknown protein	1.76E-01	1.34	194	3	3	82033	86581	149914	129728	35020	30245	76532	80085	123658	151500	129590	129316
AT4G28080.1;AT1G15290.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.76E-01	1.23	558	13	12	252622	258975	191994	174877	261407	251795	197581	200192	260424	250962	115683	110700
AT4G35260.1;AT1G32480.1;AT2G17130.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	1.76E-01	1.31	264	5	5	11174	7927	12764	12100	16537	18169	6808	4933	8503	6936	14256	18467
AT1G35220.1	unknown protein	1.78E-01	1.24	23	1	1	3370	2823	7233	8607	2112	3390	5586	5901	5092	7304	5274	4958
AT3G60910.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.79E-01	1.44	30	1	1	6607	5278	6611	8173	5293	2405	4001	1335	2369	4324	6442	5314
AT5G59610.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	1.79E-01	1.30	173	4	3	40012	44167	90889	67599	26026	30812	48544	48502	87492	91411	61865	52869
AT3G54360.1	zinc ion binding	1.80E-01	1.44	40	1	1	403	565	491	360	211	205	258	174	221	94	476	327
AT2G43710.2	SSI2, FAB2 - Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	1.80E-01	1.27	120	2	1	2446	2601	4833	2955	3707	2947	3112	2599	1216	2110	3391	2857
AT3G02620.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	1.80E-01	5.30	24	1	1	0	146	129	158	217	246	132	101	2081	2114	152	169
AT2G43130.1;AT1G05810.1	ARA4, ATRAB11F, ATRABASC, ARA-4, RABASC - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfami	1.81E-01	1.50	99	2	1	3019	4106	4245	1266	4102	3124	2719	2834	2312	2426	632	2356
AT3G19850.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	1.81E-01	1.33	29	1	1	4080	3638	8535	6525	172	125	4452	3540	6919	7054	4712	4096
AT3G09090.1	DEX1 - defective in exine formation protein (DEX1)	1.81E-01	1.39	32	1	1	10801	13112	15981	9117	6265	6020	5734	7999	4417	4465	11939	9649
AT1G45230.1	Protein of unknown function (DUF3223)	1.81E-01	1.93	48	1	1	3635	4072	2300	2011	9940	11713	3961	3805	1977	1935	3070	2719
AT1G79350.1	EMB1135 - RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	1.82E-01	1.09	86	2	2	11408	14481	12362	10284	12519	11972	14319	12830	13973	15093	11952	11657
AT1G15500.1	ATNTT2 - TLC ATP/ADP transporter	1.82E-01	1.62	50	1	1	558	644	1382	951	2569	1878	1973	1379	208	44	616	711
AT5G18640.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.83E-01	1.15	62	1	1	2323	1945	3187	2632	3360	3440	2735	3371	2800	3241	3836	3433
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	1.83E-01	1.73	33	1	1	4318	4420	4497	3955	7238	6855	11092	10632	13913	11886	3237	3308
AT1G26830.1	CUL3A, ATCUL3A, ATCUL3, CUL3 - cullin 3	1.83E-01	1.44	36	1	1	1261	1609	2509	1238	2501	2146	1671	1800	196	732	1832	1568
AT3G56940.2;AT3G56940.1	CRD1 - dicarboxylate diiron protein, putative (Crd1)	1.83E-01	1.19	157	2	2	10584	9771	19635	15385	17425	14010	14545	15068	14139	21397	17985	20128
AT4G04910.1	NSF - AAA-type ATPase family protein	1.84E-01	1.40	93	2	2	4723	5428	5107	5077	10978	11363	7616	7267	4050	4393	3694	3516
AT3G47670.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	1.84E-01	1.51	26	1	1	1844	912	2717	1911	2035	1271	1912	2749	4587	3903	1771	1239
AT3G27570.1	Sucrase/ferredoxin-like family protein	1.84E-01	1.15	94	1	1	11029	9431	15253	11602	9702	9871	10082	10982	7133	9532	9373	10839
AT3G47110.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.84E-01	1.41	21	1	1	229413	250355	218435	219506	100210	91400	137031	142709	104544	118937	142819	139568
AT4G34340.1	TAF8 - TBP-associated factor 8	1.84E-01	1.38	27	1	1	12202	11037	7211	6325	15432	18144	8670	10089	8391	10514	6071	7296
AT1G60070.1	Adaptor protein complex AP-1, gamma subunit	1.85E-01	1.17	418	8	6	54213	55386	74141	69724	80682	79419	63141	63937	42543	42804	70579	69012
AT3G47070.1	unknown protein	1.85E-01	2.66	23	1	1	500	864	1338	1541	613	322	320	875	1275	1391	4599	5300
AT1G53320.1	AtTLP7, TLP7 - tubby like protein 7	1.85E-01	1.80	46	2	1	9979	11385	14165	12977	950	2292	13104	12521	26584	28758	5924	6054
AT5G38640.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	1.85E-01	1.31	37	1	1	2668	1611	2626	1381	2887	2786	2001	3551	1819	1059	1100	1126
AT3G03340.1	UNE6 - LUC7 related protein	1.85E-01	1.19	33	1	1	6850	6961	11011	11199	7762	8084	11975	10655	8430	7246	12575	10950
AT5G25260.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	1.86E-01	1.93	33	1	1	1299	1613	550	434	253	381	765	619	0	30	506	420
AT1G23900.1	GAMMA-ADAPTIN 1, Gamma-ADR - gamma-adaptin 1	1.86E-01	1.19	375	8	6	39762	44978	61656	55233	63377	56535	54233	52738	27689	36723	52895	45782
AT3G44590.1	60S acidic ribosomal protein family	1.87E-01	1.65	208	5	4	9011	7167	15087	13446	830	462	9272	8458	23436	22655	5358	6535
AT1G09640.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	1.87E-01	1.13	226	4	2	45815	52705	51538	53634	45472	39701	54770	50467	42606	39951	33845	34031
AT5G12940.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	1.88E-01	6.47	29	1	1	1633	1299	649	1197	11765	10680	25368	24855	63257	61323	548	810
AT5G41520.1;AT5G41520.2	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	1.88E-01	1.28	54	2	2	40766	45417	41866	36973	21351	23778	22693	21891	19886	25683	35397	38202
AT3G26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	1.88E-01	1.39	326	3	3	632525	608096	833378	881460	1678158	1221628	1151301	1144805	597792	572310	347907	404379
AT5G45030.1	Trypsin family protein	1.89E-01	1.35	22	1	1	1618	1817	692	836	1267	1166	1288	1756	577	716	615	512
AT1G03350.1	BSD domain-containing protein	1.89E-01	1.20	341	4	4	164744	136760	107895	111674	196349	137189	125501	130046	150146	111633	83506	112658
AT3G57050.2;AT3G57050.1	CBL - cystathionine beta-lyase	1.89E-01	1.41	24	1	1	1011	833	1347	1200	383	992	859	837	1936	2131	1260	1098
AT3G50560.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.90E-01	2.13	32	1	1	1070	1095	572	626	615	358	1475	2500	2388	2123	389	380
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.90E-01	1.28	103	2	2	15192	14528	32902	24904	9249	8894	15283	16344	25046	29697	25742	23562
AT4G31500.1	CYP83B1, SUR2, RNT1, RED1, ATR4 - cytochrome P450, family 83, subfamily B, polypeptide 1	1.91E-01	1.43	46	1	1	3541	3243	3354	4186	7628	7694	4434	5312	1605	1150	4570	3604
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	1.91E-01	1.23	38	1	1	4690	6715	5566	4511	7325	8434	6652	6311	3634	3835	5648	4224
AT1G13020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	1.91E-01	68.03	20	1	1	21	13	15	21	20	8	20	9	3375	3119	27	5
AT3G02880.1;AT5G16590.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.91E-01	1.26	96	2	2	28452	38898	27079	21716	34995	35178	34916	33844	26668	26026	11308	15439
AT3G59690.1	IQD13 - IQ-domain 13	1.91E-01	1.16	40	1	1	98623	99515	116211	111351	162816	178839	143814	139401	149610	189622	129946	134755
AT2G27820.1	PD1, ADT3 - prephenate dehydratase 1	1.91E-01	1.13	94	1	1	71204	68306	107332	71229	64703	70525	71281	74288	91549	104002	90799	82149
AT1G43670.1	Inositol monophosphatase family protein	1.92E-01	1.32	27	1	1	488	998	1711	500	350	340	631	738	816	1009	1693	918
AT1G24510.2;AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.92E-01	1.21	42	1	1	5936	4578	4359	5664	3752	1964	5438	5134	6005	6110	4504	4559
AT1G42550.1	PMI1 - plastid movement impaired1	1.92E-01	1.12	687	9	8	560404	582290	474718	400887	383020	371138	502813	518892	525282	602181	473537	473157
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	1.92E-01	1.17	294	6	5	59807	62651	75552	66613	86198	92508	63411	62892	40750	66672	77267	68451
AT4G14070.1;AT3G23790.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	1.93E-01	1.14	258	6	6	56887	65733	91147	91525	67498	69108	64955	70116	54196	67923	63773	66049
AT3G56000.1	ATCSLA14, CSLA14 - cellulose synthase like A14	1.93E-01	2.01	23	1	1	1209	1869	1049	966	100	533	874	1183	399	345	0	42
AT2G30200.2;AT2G30200.1	catalytics;transferases;[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	1.93E-01	1.21	56	1	1	3317	3074	3362	3771	4455	5862	3537	4695	2699	2796	2855	3182
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	1.94E-01	1.24	51	1	1	1816	1757	1087	1007	1172	1068	648	989	1506	921	1271	1018
AT3G55605.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	1.94E-01	2.44	44	1	1	1237	1145	561	567	6218	6161	2493	2470	549	611	172	215
AT2G26430.1	RCY1, ATRCY1 - arginine-rich cyclin 1	1.95E-01	1.16	26	1	1	100780	96808	143301	147900	87902	106303	125736	106345	107666	144514	161176	147790
AT2G25720.1	unknown protein; Has 38 Blast hits to 38 proteins in 18 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	1.95E-01	1.28	27	1	1	28833	29023	19915	24876	43351	38981	36179	42399	17431	18852	13654	15718
AT4G33250.1	EIF3K, TIF3K1, ATTIF3K1 - eukaryotic translation initiation factor 3K	1.95E-01	1.13	83	3	3	16631	16282	15790	20879	13111	13371	15496	13693	13407	12337	15861	14524
AT5G06660.1	Protein of unknown function DUF106, transmembrane	1.95E-01	2.47	25	1	1	224	269	909	742	2190	2574	975	878	234	593	0	122
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	1.96E-01	1.32	34	1	1	44889	47309	54685	51926	51359	45943	64780	61300	86427	97904	43013	36843
AT5G45520.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	1.97E-01	1.30	29	1	1	158129	146618	139430	168611	68832	99888	91329	100272	68678	73055	128557	139119
AT5G27970.2;AT5G27970.1	ARM repeat superfamily protein	1.97E-01	1.65	113	3	2	2853	2763	2454	1672	7810	6655	4097	4065	907	498	2365	2698
AT3G25800.1;AT3G25800.2	PDF1, PR 65, PP2AA2 - protein phosphatase 2A subunit A2	1.97E-01	1.16	448	10	5	52339	56719	79714	73755	84427	83041	61953	65004	53005	52857	68660	69986
AT5G45010.1	ATDSS1(V), DSS1(V) - DSS1 homolog on chromosome V	1.98E-01	1.46	215	2	2	132991	95193	133828	109344	162440	150163	145555	121786	118782	123592	340591	293916
AT1G70580.1;AT1G23310.1	AOAT2, GGT2 - alanine-2-oxoglutarate aminotransferase 2	1.98E-01	1.04	521	7	7	218174	218358	240081	210420	218425	228982	221273	217668	206124	233331	201146	198767
AT3G49510.1	F-box family protein	1.99E-01	5.96	20	1	1	5689	2563	17	120	10397	7743	0	1026	0	508	1438	1476
AT4G31160.1	DCAF1 - DDB1-CUL4 associated factor 1	2.00E-01	1.12	59	1	1	82927	86219	66244	69505	67358	72087	64084	71520	72523	84220	52729	50246
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	2.00E-01	1.90	122	3	3	6239	7068	6180	5741	2815	2379	5508	6212	21341	16721	4089	3875
AT1G68590.2	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	2.00E-01	1.35	22	1	1	2427	2830	10349	8609	1010	1800	3861	3415	5366	5258	8803	9828
AT2G18460.1	LCV3 - like COV 3	2.00E-01	1.27	24	1	1	24170	25237	32045	19915	10158	10452	27391	19819	19167	37894	26056	24804
AT1G20610.1	CYCB2;3 - Cyclin B2;3	2.01E-01	1.44	20	1	1	1097	1483	1082	1318	3125	2649	1855	1483	1014	1435	959	744
AT3G10350.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.01E-01	1.14	99	2	1	27428	32310	35229	41502	30040	36140	28000	36760	21030	26814	31737	33479
AT5G09390.1	CD2-binding protein-related	2.02E-01	1.49	398	6	6	20808	14934	12673	9370	43596	40343	26261	30039	52045	63821	18720	19599
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.03E-01	1.70	116	3	2	7254	9866	7394	7652	5283	5536	21778	16742	10172	15065	4768	4601
AT4G03280.2;AT4G03280.1	PETC, PGR1 - photosynthetic electron transfer C	2.04E-01	1.24	44	1	1	17071	18146	9884	11041	14879	13280	14130	16308	14316	8775	7693	6988
AT1G19670.1	ATCLH1, CORI1, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	2.04E-01	1.19	461	6	5	520311	510385	975721	818768	412211	493076	601595	583887	734569	941792	823132	767043
AT2G21160.1	Translocon-associated protein (TRAP), alpha subunit	2.04E-01	1.38	34	1	1	5989	5053	15297	11052	11080	12215	5524	6012	6882	7313	8604	9643
AT1G60810.1	ACLA-2 - ATP-citrate lyase A-2	2.05E-01	1.26	81	2	1	6655	6873	6189	6608	5669	5072	8578	7861	8127	12078	4871	5369
AT3G61050.1	NTMC2TYPE4, NTMC2T4 - Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	2.05E-01	1.23	136	4	4	28280	29058	56545	42386	35151	34181	32844	35564	20471	20799	39362	33694
AT5G42470.1	unknown protein	2.05E-01	1.27	113	3	3	88277	86007	120501	94510	26944	23474	104903	94523	80735	111389	90357	74497
AT4G27120.1	unknown protein	2.06E-01	1.24	77	2	2	7269	5871	9921	4399	2941	3603	5204	5825	5904	7909	8808	8517
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	2.06E-01	1.12	140	1	1	17570	25068	22134	28156	22897	18046	22449	20568	26868	26260	26422	27066
AT5G47660.1	Homeodomain-like superfamily protein	2.06E-01	1.13	20	1	1	50361	45880	52572	49145	49461	58261	58967	50576	49884	45853	70964	67978
AT4G29440.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	2.06E-01	1.27	88	2	2	43259	45640	27488	29703	27698	26446	41835	40032	55857	60181	27644	29016
AT4G27450.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	2.07E-01	1.10	73	1	1	14627	13973	16102	15204	15034	17784	16613	17220	11636	13383	13494	12238
AT1G79830.4	GC5 - golgin candidate 5	2.07E-01	1.67	343	6	1	6923	5107	980	1933	4402	2862	1461	20	2791	4764	397	3844
AT1G19835.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	2.07E-01	1.17	74	1	1	1974	2151	2822	2691	3422	2719	1494	2141	2477	2499	2735	2110
AT2G24765.1	ARF3, ARL1, ATARL1 - ADP-ribosylation factor 3	2.07E-01	1.22	86	2	2	26681	30164	39553	35341	50238	53551	35416	35725	24049	26036	39162	32062
AT5G07350.1	Tudor1, AtTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	2.07E-01	1.17	119	2	1	24452	23987	17952	18178	14799	17491	15949	16987	10569	17769	18832	19398
AT3G17170.1	RFC3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.07E-01	32.86	35	1	1	10	176	136	37	48	14	102	94	6239	7375	17	16

AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	2.08E-01	1.27	600	7	6	2154424	2432713	1217778	1123901	2313970	2149580	1660923	1709910	1268219	1322320	1470897	1530227
AT5G48880.1	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	2.08E-01	1.15	496	6	6	135914	147324	161372	149560	106582	126865	102374	102856	94931	102353	154670	163426
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	2.08E-01	1.11	704	10	10	266188	271513	403055	304599	318799	326249	249444	255844	278984	264529	319799	327709
AT1G20330.1	SMT2, CVP1, FRL1 - sterol methyltransferase 2	2.09E-01	1.26	177	4	4	16810	14755	18340	16777	31224	25565	18405	25564	13511	15379	15128	10388
AT5G47640.1;AT2G47810.1	NF-YB2 - nuclear factor Y, subunit B2	2.09E-01	1.10	234	2	2	38014	36069	30415	27055	24579	24211	36697	31692	35369	32568	31943	30750
AT4G09680.1	CTC1, ATCTC1 - conserved telomere maintenance component 1	2.09E-01	1.42	25	1	1	661	750	441	258	192	282	140	366	48	37	681	553
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	2.09E-01	2.14	35	1	1	1336	1735	1999	1679	359	1161	1927	2051	5872	5994	711	1103
AT5G18410.1;AT5G18410.2	PIR, KLK, PIR121, SRA1, PIRP, ATSRA1 - transcription activators	2.10E-01	1.52	69	2	2	1769	2102	2832	2516	5011	6634	2617	3096	322	522	3900	3287
AT4G21445.1	unknown protein	2.11E-01	1.26	144	2	2	39878	40221	52275	38882	72424	64414	46694	50993	49756	50029	23423	23561
AT1G67280.1;AT1G11840.1	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein	2.11E-01	1.19	76	2	2	14494	13917	33660	22715	10972	10965	19757	17537	19276	25306	24204	20839
AT4G22150.1	PUX3 - plant UBX domain-containing protein 3	2.12E-01	1.38	92	2	2	15206	8591	7706	10907	11585	7779	11022	11596	26345	17835	9089	9247
AT1G30360.1	ERD4 - Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)	2.12E-01	1.41	281	6	5	39083	36607	47685	49148	97995	99560	61946	68119	39666	35824	30482	26106
AT1G61790.1	Oligosaccharyltransferase complex/magnesium transporter family protein	2.12E-01	1.32	132	3	3	12921	11838	23484	26871	22214	25974	23126	24424	8686	12928	11984	12413
AT2G33120.1;AT1G04750.1;AT1G04760.1;AT2G	SAR1, VAMP722, ATVAMP722 - synaptobrevin-related protein 1	2.13E-01	1.22	213	4	4	60851	55601	84226	79369	109827	113629	72580	76989	58464	67606	68644	68157
AT4G17650.1	Polyketide cyclase / dehydrase and lipid transport protein	2.13E-01	1.25	29	1	1	4703	7104	8001	8830	12083	8434	6510	7635	4643	5054	7983	7386
AT5G06120.1;AT5G06120.2	ARM repeat superfamily protein	2.13E-01	1.63	123	4	3	4290	4854	4562	4464	12629	16398	7013	8461	2012	3393	4341	3726
AT4G39820.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.13E-01	1.34	53	2	2	1942	2715	3366	2561	3267	4773	3391	3709	2756	2892	573	600
AT1G78270.1	AtUGT85A4, UGT85A4 - UDP-glucosyl transferase 85A4	2.14E-01	1.70	26	1	1	3734	2589	1468	2002	373	2870	1400	1111	107	220	1782	3043
AT4G18350.1	NCED2, ATNCED2 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 2	2.16E-01	1.34	22	1	1	1898	2345	3503	3295	4013	4482	2772	3975	2793	3540	772	765
AT1G26910.1;AT1G14320.1	RPL10B - Ribosomal protein L16p/L10e family protein	2.16E-01	1.27	91	2	2	22724	22677	20023	20815	39248	40509	24250	25928	25208	23936	16015	15324
AT4G34090.3;AT4G34090.1	unknown protein	2.16E-01	1.15	45	1	1	2448	2378	1212	846	4432	5558	4318	3949	3046	3336	0	0
AT4G08350.1	GTA02, GTA2 - global transcription factor group A2	2.16E-01	1.16	173	3	3	60413	59464	41708	36687	60445	54377	63223	57730	67686	77385	49000	48387
AT4G33740.1	unknown protein	2.17E-01	9.92	26	1	1	345	454	121	72	8261	7477	138	408	556	459	77	49
AT3G22380.1	TIC - time for coffee	2.17E-01	2.12	40	1	1	553	650	779	970	923	1104	1612	1675	2712	3649	449	457
AT4G39680.1	SAP domain-containing protein	2.17E-01	1.10	174	2	2	19351	20704	14795	15851	19796	17683	17394	17338	18059	16630	15500	13509
AT1G61870.1	PPR336 - pentatricopeptide repeat 336	2.17E-01	3.50	21	1	1	20	617	189	305	1150	1383	117	10	275	418	147	79
AT1G05500.1	SYTE, ATSYTE, NTMC2TYPE2.1, NTMC2T2.1, SYT5 - Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protei	2.17E-01	1.81	41	1	1	1004	405	1030	570	3993	3875	2363	2419	354	679	78	129
AT1G08480.1	unknown protein	2.18E-01	1.24	36	1	1	13583	10990	31991	23359	22013	18924	18454	17282	29185	32292	28411	24324
AT1G71500.1	Rieske (2Fe-2S) domain-containing protein	2.18E-01	1.55	75	1	1	4426	4216	4707	6446	15260	12097	4975	6203	5059	6357	3659	4248
AT3G14100.1;AT1G17370.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.19E-01	1.39	70	2	2	16119	19231	10968	9517	7488	5794	8880	8871	8886	8459	7153	7458
AT5G62670.1	AHA11, HA11 - H(+)-ATPase 11	2.20E-01	1.25	273	3	1	22047	24435	34144	27740	43650	46104	29036	32436	16213	24538	28442	27507
AT5G59680.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	2.20E-01	1.20	30	1	1	1709	1769	1869	1206	1919	1477	1368	1428	1121	679	1460	2246
AT2G28360.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.20E-01	1.14	233	5	5	87834	81681	116966	93507	83100	76340	93139	92389	110466	140146	85075	93494
AT3G03790.1	ankyrin repeat family protein / regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	2.21E-01	1.52	31	1	1	1885	790	672	2074	935	892	1160	808	1505	1338	2550	3659
AT5G13450.1;AT5G13450.2	ATP5 - delta subunit of Mt ATP synthase	2.21E-01	1.14	224	5	5	35859	34424	26269	27631	34353	31442	27341	33466	22361	18682	30510	34546
AT1G51660.1	ATMKK4, MKK4, ATMEK4 - mitogen-activated protein kinase kinase 4	2.21E-01	1.14	26	1	1	25464	23982	23629	28878	13829	24312	25720	21788	29026	25030	27110	31712
AT5G26570.1	PWD, OK1, ATGWD3 - catalytics;carbohydrate kinases;phosphoglucan, water dikinases	2.21E-01	1.49	22	1	1	365	1250	2395	2461	3379	3868	4449	3400	1907	1519	5575	3630
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	2.21E-01	1.14	94	2	2	14425	14785	13054	12512	9323	9895	10409	10647	9766	9772	13060	11427
AT5G06270.1	unknown protein	2.22E-01	1.73	25	1	1	4968	5695	1155	1678	2273	6576	3009	4333	1471	564	1684	1833
ATCG00720.1	PETB - photosynthetic electron transfer B	2.23E-01	1.37	54	1	1	7014	5724	15679	11878	12741	14410	10965	10472	3799	5330	9427	9377
AT2G29560.1	ENOC - cytosolic enolase	2.23E-01	1.47	33	1	1	103520	85496	36501	50909	140995	120150	82030	84665	55193	44660	43044	55943
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	2.24E-01	1.35	88	2	2	26363	26339	23394	24667	15443	14241	29746	27501	39025	46157	15934	18301
AT4G38600.2;AT4G38600.1	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	2.25E-01	2.05	135	3	2	8649	10543	7781	7553	7758	9684	12936	16785	31854	34731	5559	4624
AT3G25420.1	scpl21 - serine carboxypeptidase-like 21	2.25E-01	1.31	26	1	1	3460	4321	4247	3850	6414	4521	4303	4288	9114	8440	5291	3717
AT4G19500.1;AT4G19500.2	nucleoside-triphosphatases;transmembrane receptors;nucleotide binding;ATP binding	2.25E-01	1.68	87	2	2	3367	3011	4392	3222	11845	11590	2864	3221	2699	3314	5102	5082
AT1G52360.2	Coatomer, beta' subunit	2.26E-01	1.61	663	12	5	286902	243335	178952	153803	685529	563819	231147	251745	178588	169553	227479	251866
AT5G42490.1	ATP binding microtubule motor family protein	2.26E-01	1.26	23	1	1	2771	2547	4143	3991	1433	2330	3338	2732	3007	2668	5455	4575
AT3G17040.1	HCF107 - high chlorophyll fluorescent 107	2.26E-01	1.24	21	1	1	5349	6096	7960	7112	9422	5547	6348	5646	6832	9301	2711	2632
AT2G31840.1	Thioredoxin superfamily protein	2.26E-01	1.38	40	1	1	6313	5993	2482	2530	5760	6192	3748	4495	3599	2839	2862	3663
AT1G52230.1;AT3G16140.1	PSAH2, PSAH-2, PSI-H - photosystem I subunit H2	2.27E-01	1.69	45	1	1	15760	16858	9048	8217	47289	40134	24662	24624	12228	15585	1732	2333
AT3G46060.1	ARA3, ARA-3, ATRABE1C, ATRABBA, RABBA - RAB GTPase homolog 8A	2.27E-01	1.14	95	1	1	8705	7743	11801	11306	8676	8431	9074	8668	5855	7681	8937	9517
AT5G20350.1	TIP1 - Ankyrin repeat family protein with DHHC zinc finger domain	2.29E-01	1.26	34	1	1	2936	2521	4387	3850	4338	3633	3882	3093	898	2413	3710	3201
AT3G60370.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	2.29E-01	1.16	74	1	1	10552	9838	9865	9024	9516	11942	6450	8318	7677	4925	11155	13875
AT4G30530.1;AT4G30550.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.29E-01	1.17	151	3	3	67966	60957	91603	82776	110976	102940	71963	77591	53878	71027	83676	82281
AT3G10050.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	2.30E-01	1.30	57	1	1	1784	1961	1377	788	1693	1063	1712	2311	1231	769	402	230
AT3G53120.1	VPS37-1 - Modifier of rudimentary (Mod(r)) protein	2.30E-01	1.56	21	1	1	4624	4101	1441	1476	1339	1603	1742	1991	1598	2214	806	989
AT4G17530.1;AT5G47200.1	RAB1C, ATRAB1C, ATRABD2C - RAB GTPase homolog 1C	2.31E-01	1.14	261	3	3	152105	140963	242369	207172	199330	181153	162949	151563	133678	173472	189071	171951
AT4G12590.1	Protein of unknown function DUF106, transmembrane	2.31E-01	1.32	212	3	3	12295	10973	21518	14436	26744	26755	16603	16859	11249	12042	14033	14777
AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.32E-01	1.13	277	4	4	22040	20312	34877	21855	21149	19577	20123	24592	26125	30966	29155	27327
AT1G18910.1	zinc ion binding;zinc ion binding	2.32E-01	4.74	24	1	1	1783	1320	282	360	10951	9764	1588	1211	329	217	1060	751
AT1G75220.1	Major facilitator superfamily protein	2.32E-01	1.53	61	1	1	1902	1547	4040	3827	6623	6634	4498	4833	2315	3335	288	753
AT2G36090.1	F-box family protein	2.32E-01	1.27	23	1	1	3001	4072	2322	3146	3442	4220	4200	3537	2847	4204	460	674
AT4G15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	2.32E-01	1.24	453	7	7	76595	71806	114383	84519	158493	118950	103842	101648	85671	81093	67571	65006
AT3G19595.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	2.32E-01	2.18	22	1	1	0	0	55	0	1337	1345	2526	2278	976	181	3	13
AT4G32300.1	CP33, PDI322 - chloroplast RNA-binding protein 33	2.33E-01	1.29	76	2	2	110984	120371	57046	62844	126373	121682	104827	104524	58274	61604	66174	70628
AT3G18820.1	ATRAB GF, ATRAB7B, RAB71, RABG3F, RAB7B - RAB GTPase homolog G3F	2.33E-01	1.40	175	2	1	32919	30941	38998	29908	78692	71131	47291	48370	47707	46168	4931	7360
AT2G33540.1	CPL3, ATCPL3 - C-terminal domain phosphatase-like 3	2.34E-01	1.16	71	2	2	43553	41793	49600	44930	65710	56550	61533	57209	73623	70794	44654	44075
AT5G49910.1	CPHSC70-2EAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat shock protein 70-2	2.34E-01	1.14	290	4	1	73221	56226	51455	58273	55545	47706	47026	46382	68249	60926	36371	42178
AT1G20696.1	HMGB3, NFD3, NFD03 - high mobility group B3	2.34E-01	1.11	50	1	1	6094	5691	1265	1528	368	329	2024	3301	2316	2509	3229	3513
AT2G22450.1	riboflavin biosynthesis protein, putative	2.35E-01	1.43	71	2	1	2142	960	2945	3300	2	212	1005	1366	4567	1545	2278	2895
AT3G22942.1	AGG2 - G-protein gamma subunit 2	2.35E-01	1.80	22	1	1	4131	3112	533	1525	40	427	3061	5716	396	873	3954	3534
AT1G11890.1	SEC22, ATSEC22 - Synaptobrevin family protein	2.35E-01	1.53	45	1	1	579	676	1868	1390	1916	1364	1100	1257	68	562	1202	917
AT4G24230.1	ACBP3 - acyl-CoA-binding domain 3	2.36E-01	1.13	73	1	1	9660	9652	11802	11576	8173	7561	10179	9470	9032	7511	8288	7307
AT1G35160.1	GRF4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	2.36E-01	1.25	533	6	1	2316	2708	4129	2676	1772	1764	3721	2509	2365	2144	4360	4174
AT5G23540.1;AT5G23540.2	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	2.36E-01	1.25	133	2	2	135254	129514	167729	128215	75838	78163	83754	76107	70558	103429	118360	119934
AT5G16890.1	Exostosin family protein	2.37E-01	1.38	20	1	1	1582	919	2113	2053	407	544	1042	865	1979	2698	2261	1664
AT2G35780.1	scpl26 - serine carboxypeptidase-like 26	2.38E-01	1.29	57	2	2	24182	27217	34166	30910	21182	19208	21259	20808	29711	36696	46114	46987
AT3G09820.1	ADK1, ATADK1 - adenosine kinase 1	2.38E-01	1.56	24	1	1	386	344	551	271	273	334	424	173	199	262	0	326
AT5G65780.2;AT5G65770.2	ATBCAT-5 - branched-chain amino acid aminotransferase 5 / branched-chain amino acid transaminase 5 (BCAT5	2.38E-01	1.15	52	2	1	509	455	334	174	305	61	514	263	555	262	0	0
AT3G58840.1	Tropomyosin-related	2.38E-01	1.20	22	1	1	1392	1080	942	816	1079	983	1016	1004	397	617	1197	1008
AT4G31580.1	SRZ-22, SR222, RSZP22, RSZ22, At-RSZ22 - serine/arginine-rich 22	2.38E-01	1.47	38	1	1	1991	2224	387	450	2228	1625	2537	1654	1252	563	0	66
AT1G67730.1	YBR159, KCR1, ATKCR1 - beta-ketoacyl reductase 1	2.39E-01	1.24	98	3	2	31991	36939	27090	26662	41476	34760	35607	39196	40935	27045	10323	7624
AT1G10290.1;AT1G59610.1	ADL6, DRP2A - dynamin-like protein 6	2.39E-01	2.17	23	1	1	122	158	53	305	57	0	85	0	54	0	181	0
AT3G01660.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.39E-01	1.14	83	2	2	10248	11514	11876	11867	8342	9490	8198	7554	7050	8188	12237	12477
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	2.39E-01	1.48	1672	22	19	3033999	3028546	3569317	2844836	2038296	1750697	3455637	4084004	6109593	6539214	1924279	1935896
AT2G19480.1	NFA02, NFA2, NAP1;2 - nucleosome assembly protein 1;2	2.39E-01	1.74	554	9	6	41065	39878	31228	25157	20606	13811	33208	31400	98161	93845	20448	22423
AT5G23890.1	unknown protein	2.39E-01	1.19	48	1	1	1899	2327	4064	2698	965	890	2738	2258	2226	2578	2920	2569
AT1G32160.1	Protein of unknown function (DUF760)	2.39E-01	1.29	38	1	1	3537	3755	2536	2097	5530	3632	3563	3834	3964	4506	298	240
AT1G18485.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.39E-01	1.31	29	1	1	3433	2906	2380	1995	5192	3574	3842	3500	3181	1978	1549	865
AT1G22290.1	RPL27A, RPL27AB - Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	2.40E-01	1.22	139	2	1	10269	11437	13997	15027	4266	4671	13296	12374	14068	13350	8924	10497
AT1G09020.1	SNF4, ATSNF4 - homolog of yeast sucrose nonfermenting 4	2.40E-01	1.34	43	1	1	3037	4074	2335	2772	5799	6026	4490	5276	3982	2586	673	897
AT3G23920.1	BAM1, BMY7, TR-BAMY - beta-amylase 1	2.40E-01	1.21	242	6	6	36109	40045	41852	37496	22194	22808	29022	29538	21454	23100	32298	30479
AT2G32170.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.41E-01	1.21	30	1	1	955	768	920	945	1394	862	898	1031	685	1218	642	341
AT3G60830.1	ATARP7, ARP7 - actin-related protein 7	2.41E-01	1.24	64	2	2	7514	8368	7050	6818	4108	4515	5081	5191	3004	3831	6640	7236
AT2G42610.1	LSH10 - Protein of unknown function (DUF640)	2.41E-01	1.19	29	1	1	18245	16379	20019	25240	13636	16719	14002	13992	10381	10731	20980	22819

AT3G22890.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	2.41E-01	1.15	178	4	4	32724	36390	28450	21413	32379	34455	26309	24541	20715	21756	34643	33333
AT5G41140.2;AT5G41140.1	Myosin heavy chain-related protein	2.41E-01	10.74	23	1	1	38	27	107	0	6	11	0	48	904	923	112	43
AT3G01310.2;AT3G01310.1	Phosphoglycerate mutase-like family protein	2.42E-01	1.15	211	6	3	7164	8008	9513	9746	10250	11876	10448	9665	8124	9993	14121	12648
AT1G48100.1	Pectin lyase-like superfamily protein	2.42E-01	2.91	23	1	1	10252	11949	3580	3106	48171	44460	8787	13005	3617	3351	5766	7181
AT5G11490.1	adaptin family protein	2.43E-01	1.15	476	9	8	42190	37883	60211	45384	53083	54341	48289	46211	29008	32784	52645	45850
AT5G43310.1;AT5G43310.2	COP1-interacting protein-related	2.43E-01	1.15	28	1	1	5832	5458	8574	8119	7379	6964	6277	6822	7609	8398	8450	11224
AT1G64090.1	RTNLB3 - Reticulan like protein B3	2.44E-01	1.48	58	2	2	3053	2520	5051	5996	10446	9169	7665	5948	359	1166	4426	4837
AT2G47330.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.44E-01	3.26	41	1	1	480	788	389	485	5476	4868	663	457	656	205	680	1171
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	2.44E-01	1.11	1132	13	12	2088999	2013213	2160544	2049384	1668712	1421443	1660612	1594088	1573025	1494370	2132125	1775051
AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.44E-01	1.14	607	9	3	127692	114836	141019	129499	204664	176481	166763	168485	140080	229908	147467	168859
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	2.45E-01	1.33	69	2	2	5417	4772	8152	6915	5436	6674	3613	6358	8860	11371	9919	9388
AT3G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	2.45E-01	1.27	277	6	6	40020	40523	28298	31237	56332	55356	45411	49310	71709	79857	31394	42899
AT4G37925.1	NDH-M - subunit NDH-M of NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex	2.45E-01	1.19	37	1	1	5563	6768	6928	7811	2466	2896	5681	7337	5573	5883	7096	6931
AT5G13530.1	KEG - protein kinases;ubiquitin-protein ligases	2.45E-01	1.09	25	1	1	17431	15376	12658	13913	14296	12039	12108	14652	12702	14162	11614	13458
AT5G58220.1	TTL - transthyretin-like protein	2.45E-01	1.17	109	2	2	48816	50596	76236	55393	39552	42119	38962	41802	36166	41101	56028	53047
AT5G49760.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	2.46E-01	1.18	161	3	3	12056	9723	14525	11179	15714	13929	13629	11761	5891	6932	12852	14037
AT4G22570.1	APT3 - adenine phosphoribosyl transferase 3	2.46E-01	1.44	71	2	1	560	475	695	1098	505	418	660	767	1537	1429	573	432
AT1G34260.1	FAB1D - FORMS APLOID AND BINUCLEATE CELLS 1A	2.47E-01	1.18	54	1	1	19333	16123	17245	13095	22930	24680	17519	17265	15460	21153	13285	11727
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	2.47E-01	1.26	53	1	1	27946	19985	24918	22634	18496	17216	20912	19315	29969	48683	25717	21358
AT5G49020.1	ATPRMT4A, PRMT4A - protein arginine methyltransferase 4A	2.48E-01	1.23	454	9	5	18557	18845	22802	23068	14124	15089	15687	18225	20259	19428	33221	32078
AT5G40450.1	unknown protein	2.48E-01	1.28	11229	155	155	13799091	13213492	9574849	8711958	21259232	19173240	12819816	13322341	12419097	12484421	7808750	8152124
AT3G52210.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.48E-01	1.34	35	1	1	5367	5257	5042	7802	2790	3427	6928	6301	4165	3514	10720	8179
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	2.48E-01	1.12	326	8	8	45750	45916	64537	53943	49858	50634	35476	46363	41613	39275	60241	55292
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	2.48E-01	1.21	65	2	2	20318	14642	23955	28122	14765	16506	15805	16046	11368	11440	22979	19863
AT1G35780.1	unknown protein	2.48E-01	1.17	24	1	1	4581	4604	3969	5968	3782	5333	5894	5825	3037	3724	2671	3042
AT5G51660.1	CPSF160, ATCPSF160 - cleavage and polyadenylation specificity factor 160	2.49E-01	1.15	62	2	2	6850	7643	11496	11619	9084	10600	9736	9189	7278	8529	7425	7681
AT1G55860.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	2.50E-01	1.30	1940	32	17	423484	348927	287717	235196	639225	579212	323874	381801	304433	296071	319249	312495
AT4G18070.2;AT4G18070.1	unknown protein	2.51E-01	1.23	68	1	1	2496	2478	3523	5031	4549	4139	3297	2429	2149	2915	3054	4253
AT5G07120.1	SNX2b - sorting nexin 2B	2.52E-01	1.20	76	1	1	25132	27249	33548	27575	8884	9493	24816	24082	30243	31489	23544	23974
AT1G69990.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	2.52E-01	1.84	30	1	1	5069	4016	10919	11585	1601	2029	2771	3583	7879	8269	21182	21102
AT5G48370.1;AT5G48370.2	Thioesterase/thiol ester dehydrase-isomerase superfamily protein	2.53E-01	1.21	68	2	2	5306	5628	10254	7955	7128	7532	6411	5927	8281	11016	9832	11458
AT3G62780.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	2.54E-01	1.67	28	1	1	27744	26808	7557	11233	33893	48039	22781	22447	10912	9369	13380	13980
AT3G63490.1;AT3G63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.55E-01	1.17	106	2	2	28074	23884	32703	36147	14504	14517	23922	26000	28063	28706	35677	32715
AT3G12020.1;AT3G12020.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.56E-01	1.26	51	2	2	4353	5072	2682	3215	2506	2881	3937	4504	2918	2855	1203	1077
AT4G10840.1;AT4G10840.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.56E-01	1.12	235	4	4	70231	66123	98502	73303	87946	74000	69667	68882	54783	60107	83975	83750
AT4G25080.1	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	2.57E-01	1.39	162	4	3	10932	11196	8576	8672	22961	23382	14050	13720	13876	14347	2627	2868
AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	2.57E-01	1.66	327	8	1	1807	1924	5936	2183	1493	631	925	1527	5631	4151	6064	4834
AT3G46220.3;AT3G46220.1	unknown protein; INVOLVED IN: biological_process unknown; EXPRESSED IN: 24 plant structures; EXPRESSED DU	2.57E-01	1.73	36	1	1	1472	952	2576	2421	291	1047	1175	996	242	195	1063	1402
AT1G27940.1;AT1G28010.1	PGP13 - P-glycoprotein 13	2.57E-01	2.06	27	1	1	2461	2598	3553	3247	985	1015	1681	1527	8483	11347	1721	3827
AT5G08810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	2.58E-01	1.17	81	2	2	11216	10987	6771	9058	10554	10960	9647	8930	5049	6504	11505	9342
AT3G25770.1;AT1G13280.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	2.58E-01	1.19	335	6	5	358575	340404	505720	474409	271681	277752	317136	317550	486305	600771	478834	459078
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	2.58E-01	1.31	416	4	4	220155	233466	160205	159812	406143	359513	215178	227858	216680	250595	132982	129172
ATCG00800.1	structural constituent of ribosome	2.59E-01	1.21	306	3	3	195274	176266	220348	173738	109733	112704	135736	128054	97911	104956	177883	168971
AT5G49830.1	EXO84B - exocyst complex component 84B	2.59E-01	1.86	54	1	1	122	210	121	440	746	1103	379	566	37	30	163	301
AT5G40770.1;AT3G27280.1	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	2.59E-01	1.18	116	3	3	22784	21531	25677	25596	18601	16616	18498	17721	8787	11815	27827	25830
AT2G26890.1	GRV2, KAM2 - DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	2.59E-01	1.25	184	5	4	19609	17002	14986	14191	29463	27430	14317	14657	8116	9385	25307	26182
AT5G57460.1	unknown protein	2.59E-01	1.24	23	1	1	984	779	1446	1169	1873	1255	803	912	404	253	1712	1946
AT3G44310.1;AT3G44300.1;AT3G44320.1;AT5G	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	2.59E-01	1.06	1112	14	11	767293	722109	846831	722375	805907	629270	781204	807799	839544	891474	731181	729335
AT4G32410.1	CESA1, RSW1, AtCESA1 - cellulose synthase 1	2.59E-01	1.30	205	2	1	33269	31591	29415	32562	44546	34853	53164	48751	51460	62787	22382	29149
AT4G14960.2;AT4G14960.1	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	2.59E-01	7.60	2340	29	1	1110	1084	805	1326	1665	1916	1078	1532	28090	27840	712	807
AT4G36420.1	Ribosomal protein L12 family protein	2.60E-01	1.52	25	1	1	34784	38345	35263	27304	97777	99269	36415	35106	40153	31231	34934	41323
AT4G19150.1	Ankyrin repeat family protein	2.60E-01	1.61	29	1	1	951	401	1805	1751	1545	2739	1429	1313	843	856	494	790
AT3G13200.1	EMB2769 - Cwf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	2.61E-01	1.53	24	1	1	9607	9454	4685	3568	18092	12502	10487	9376	6447	6075	2578	2971
AT1G65930.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	2.61E-01	1.25	59	1	1	2955	2299	2640	1978	3990	2513	2430	4130	5685	2985	2841	2445
AT2G38170.3	CAX1, ATCAX1, RCI4 - cation exchanger 1	2.62E-01	1.92	105	2	2	2615	2783	5237	3280	15752	16245	7000	7048	2066	1233	3496	3083
AT3G46960.1	RNA helicase, ATP-dependent, SK12/DOB1 protein	2.63E-01	1.18	76	2	2	2914	3689	4081	2702	4477	4823	2686	3858	2677	4993	2246	2758
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	2.64E-01	1.24	218	4	4	28959	25546	22768	21011	33104	43013	26606	25742	33491	34595	10619	9605
AT4G04770.1	ATABC1, LAF6, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	2.64E-01	1.24	34	1	1	951	1608	1227	1225	1765	1995	1013	1287	440	473	2029	1849
AT4G17100.1	unknown protein	2.64E-01	1.30	27	1	1	3446	5058	5227	6215	9179	8106	5678	6411	6983	6077	1729	1829
AT3G62270.1	HCO3- transporter family	2.65E-01	44.90	21	1	1	0	9	0	0	0	29	0	0	644	1018	26	0
AT5G57490.1	VDAC4, ATVDAC4 - voltage dependent anion channel 4	2.65E-01	1.56	25	1	1	631	78	812	448	664	115	224	73	89	0	728	646
AT1G20540.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.65E-01	1.26	39	1	1	1005	1213	694	1126	1668	2428	2596	2989	2184	2476	0	0
AT3G59290.1	ENTH/VHS family protein	2.65E-01	1.21	211	2	1	30843	25053	22555	21866	36874	47199	26984	26087	21052	22593	28175	27424
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	2.66E-01	1.20	490	6	2	17790	19008	34351	25679	19537	20330	19029	22205	38396	34865	24757	24436
AT1G08130.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	2.67E-01	1.17	233	3	3	25272	22456	18167	14277	21747	21107	9329	12536	28636	35588	8727	10192
AT3G56240.1	CCH - copper chaperone	2.67E-01	1.35	34	1	1	4335	3058	2205	2323	5015	6751	3307	2810	3233	2719	2790	2720
AT5G62690.1	TUB2 - tubulin beta chain 2	2.68E-01	1.10	2217	34	5	73135	68402	121058	116735	90791	81116	93247	94352	106810	110668	103976	98380
AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	2.68E-01	1.13	171	3	3	45944	47638	54994	46306	35617	38297	32426	35000	29703	46996	45559	48980
AT5G04810.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	2.69E-01	1.81	30	1	1	151	0	183	630	177	129	74	170	444	147	741	728
AT1G44575.1	NPQ4, PSBS - Chlorophyll A-B binding family protein	2.69E-01	1.36	65	1	1	924	996	936	1163	1946	2513	1451	1338	232	480	1526	1191
AT3G13870.1	RHD3 - Root hair defective 3 GTP-binding protein (RHD3)	2.69E-01	1.41	63	2	1	2432	2638	4177	3033	1518	1004	1806	2282	754	772	1961	2916
AT3G20000.1	TOM40 - translocase of the outer mitochondrial membrane 40	2.71E-01	1.13	91	3	2	13847	11919	16021	16660	10535	11231	11694	14322	10878	11636	9786	12945
AT1G60940.1	SNRK2-10, SNRK2.10, SRK2B - SNF1-related protein kinase 2.10	2.71E-01	1.10	149	3	2	36908	33261	27030	30146	38755	35972	34134	34432	31434	33145	24777	26176
AT4G00490.1	BAM2, BMY9 - beta-amylase 2	2.71E-01	1.15	24	1	1	6733	7258	10368	10775	16549	12390	15306	13245	9887	11469	12434	11186
AT1G12840.1	DET3, ATVHA-C - vacuolar ATP synthase subunit C (VATC) / V-ATPase C subunit / vacuolar proton pump C subuni	2.72E-01	1.20	201	2	2	42536	44723	75190	40742	35562	35240	34623	37587	27856	33996	47682	46422
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	2.72E-01	1.28	318	7	6	237880	266647	333551	302412	28554	28457	211944	200917	368193	419714	164150	172473
AT2G16510.1	ATPase, FO/V0 complex, subunit C protein	2.72E-01	1.40	122	3	3	80607	100996	134661	105256	275761	243423	190797	183497	74904	59628	84265	79128
AT4G11860.1	Protein of unknown function (DUF544)	2.73E-01	1.19	41	1	1	14373	13374	23457	19524	11222	9773	16101	16141	12511	26243	19230	19017
AT1G20620.1;AT1G20620.2;AT1G20620.4	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	2.74E-01	1.12	1133	17	14	2944589	2979997	2927795	2575287	2193755	2058733	2075423	2073062	1872865	1972433	3130731	2820253
AT1G67590.1;AT1G67590.2	Remorin family protein	2.74E-01	1.45	58	2	2	2195	2561	723	1663	3105	2474	1412	1288	1267	36	1925	2819
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	2.75E-01	1.89	270	4	4	23850	29184	22152	21061	119444	97705	28193	26662	41128	35683	18147	16036
AT5G45620.1	Proteasome component (PCI) domain protein	2.75E-01	1.23	452	9	4	59794	65673	92194	69663	123430	124194	76116	71402	72181	96656	62672	57250
AT2G17200.1	DSK2 - ubiquitin family protein	2.75E-01	1.28	84	2	2	13259	10334	10025	11096	22687	19102	12520	15014	15541	14828	5211	4350
AT3G61600.1	ATPOB1, POB1 - POZ/BTB containin G-protein 1	2.75E-01	1.13	73	1	1	12299	14630	12810	14082	15058	14410	18455	18635	16870	15968	11992	11827
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	2.75E-01	1.14	234	5	3	46586	47028	47611	50154	41761	38001	42430	41460	46430	45648	64115	68419
AT5G22510.1	INV-E, At-A/N-InvE - alkaline/neutral invertase	2.76E-01	1.17	516	8	7	209485	224551	293716	255622	388999	370726	279168	278520	223289	266303	218404	227554
AT2G26780.1	ARM repeat superfamily protein	2.76E-01	1.26	97	2	2	24184	31507	24536	28793	12288	19158	24698	21591	9807	12716	22146	20831
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	2.76E-01	1.32	48	1	1	1987	1995	4302	2623	942	1267	1632	2112	4767	1845	3733	3266
AT3G19960.2	ATM1 - myosin 1	2.77E-01	4.27	27	1	1	319	1149	189	44	2268	79	2808	2936	6828	4513	176	25
AT4G29670.1;AT4G29670.2	ACHT2 - atypical CYS HIS rich thioredoxin 2	2.79E-01	1.56	123	3	2	3379	1459	3530	3203	8023	7527	2721	2977	4088	3687	1605	2309
AT3G04490.1	unknown protein	2.79E-01	1.24	71	1	1	1732	2323	3105	1891	3163	3013	2401	2278	659	1439	2922	2611
AT5G58040.1	ATFIP1[V], FIPS5, ATFIPS5, FIP1[V] - homolog of yeast FIP1 [V]	2.80E-01	1.34	103	1	1	34465	32492	21742	11370	14400	21690	11156	20517	8260	18625	18404	24682
AT4G35090.1;AT4G35090.2	CAT2 - catalase 2	2.80E-01	1.35	450	7	4	24944	29449	26104	17015	12102	9336	12430	11440	13146	17892	15618	17413
AT5G65410.1	ATHB25, ZFHD2, HB25, ZHD1 - homeobox protein 25	2.80E-01	1.10	170	3	3	285117	299453	307069	262622	263082	288634	251468	274421	304595	339585	192665	191680
AT3G07060.1	emb1974 - NHL domain-containing protein	2.81E-01	1.94	56	1	1	950	691	1255	658	5756	4352	2145	2207	921	1360	234	159

AT5G05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	2.81E-01	1.11	410	6	6	306613	269271	356278	292818	444447	335610	296539	281721	328259	326235	303593	278103
AT1G17070.1	GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein with Tuftelin interacting domain	2.81E-01	1.24	49	1	1	22956	23052	13786	12993	26090	21825	23165	24846	20471	17497	5443	5738
AT4G16165.1	Carbohydrate-binding X8 domain superfamily protein	2.81E-01	4.82	33	1	1	858	1317	126	74	9719	9962	1449	2008	954	59	65	45
AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein	2.82E-01	2.42	40	1	1	344	401	607	784	722	1164	580	796	3836	3617	508	379
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.82E-01	1.56	225	3	3	12306	12201	13120	9011	27009	25443	19635	19125	46716	46656	11556	11224
AT1G76550.1	Phosphofructokinase family protein	2.83E-01	1.03	171	5	1	403	373	347	183	1425	1372	595	1388	985	1271	0	0
AT3G02160.1	Bromodomain transcription factor	2.83E-01	2.25	32	1	1	363	360	306	267	53	26	245	103	70	50	60	83
AT4G32700.2	helicases;ATP-dependent helicases;nucleic acid binding;ATP binding;DNA-directed DNA polymerases;DNA bindin	2.84E-01	1.35	23	1	1	3085	3215	1613	2115	1953	5917	1861	4079	2658	3122	826	665
AT2G09990.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	2.85E-01	3.63	34	1	1	906	1109	493	3	1271	252	257	418	145	272	0	20
AT2G17695.1	unknown protein	2.86E-01	1.18	25	1	1	1843	2183	2178	1597	2970	2877	2462	2330	2173	1980	1467	1121
AT5G53850.2	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	2.86E-01	1.14	74	1	1	5124	4626	4174	2804	6270	5743	5387	5056	4060	5791	6105	6343
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	2.86E-01	1.83	44	1	1	266	148	1532	1680	0	0	445	144	380	263	295	450
AT1G64960.1	ARM repeat superfamily protein	2.87E-01	1.41	22	1	1	8815	7161	17487	15456	7296	7536	8411	7141	11560	13965	22509	26518
AT5G01010.1;AT5G01010.3	CONTAINS InterPro DOMAIN/s: GOLD (InterPro:IPR009038); Has 172 Blast hits to 172 proteins in 43 species: Arc	2.87E-01	1.14	106	2	2	9645	10767	14908	10120	13969	12810	15874	13068	7490	9591	8605	8569
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	2.88E-01	1.19	493	8	3	45220	45758	53056	43350	38463	28554	48024	38882	67059	68819	42059	37158
AT1G30580.1	GTP binding	2.88E-01	1.14	71	2	2	5204	4001	7636	5216	4563	4809	4113	4242	4043	4425	4839	5892
AT4G38460.1	GGR - geranylgeranyl reductase	2.89E-01	1.13	44	1	1	1213	1202	1165	1136	559	578	1712	2026	736	361	161	168
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	2.89E-01	1.15	52	2	1	6956	8750	8917	11096	6445	6353	7145	6424	4930	6434	9448	7673
AT5G62140.1	unknown protein	2.91E-01	1.14	71	2	2	6525	7744	7991	8054	6834	7257	6183	6611	3799	3677	9191	9632
AT5G22640.1;AT5G22640.2	emb1211 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	2.91E-01	1.10	400	6	6	187701	192206	176279	174919	258354	220797	210336	191712	164619	208107	167651	161589
AT3G02260.1	BIG, DOC1, TIR3, UMB1, ASA1, LPR1, CRM1 - auxin transport protein (BIG)	2.92E-01	1.13	1194	25	25	140742	142562	191282	148117	202709	212299	183681	187043	120479	142381	149668	138190
AT1G27390.1	TOM20-2 - translocase outer membrane 20-2	2.92E-01	1.80	35	1	1	874	367	1355	850	113	13	555	301	0	0	768	357
AT1G07160.1	Protein phosphatase 2C family protein	2.92E-01	1.23	33	1	1	8621	7103	25065	15788	6791	5444	11098	9803	11901	10525	23122	18088
AT5G58410.1	HEAT/U-box domain-containing protein	2.92E-01	1.26	59	2	2	1387	1295	2430	2872	2868	2835	2064	2411	1447	1514	2172	1219
AT3G16785.1	PLDP1, PLDZ1, PLDZETA1, PLD ZETA 1 - phospholipase D P1	2.92E-01	1.25	46	2	1	8800	10108	5590	6899	23235	19285	16883	16786	12897	11645	535	448
AT5G08010.1	unknown protein	2.92E-01	1.16	22	1	1	5636	6039	8539	7787	2320	2707	5161	6097	7211	6369	6954	6494
AT5G66760.1;AT2G18450.1	SDH1-1 - succinate dehydrogenase 1-1	2.93E-01	1.31	164	4	3	15294	11215	11021	10296	5782	4967	7287	6612	5605	5611	9858	9597
AT1G74040.1	IMS1, MAML-3, IPMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	2.93E-01	1.24	297	6	1	5072	5244	4523	5508	3651	2877	4756	5831	7250	8185	3650	3671
AT1G53165.1;AT1G53165.3	ATMAP4K ALPHA1 - Protein kinase superfamily protein	2.93E-01	1.20	64	1	1	13096	12259	7232	7904	7130	10401	9671	8523	10329	9802	4469	5459
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	2.94E-01	1.13	295	4	4	60521	48346	90072	71818	65519	53860	63521	54561	91549	84076	77516	70984
AT5G57170.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	2.95E-01	1.15	85	1	1	5014	5584	7980	6806	6915	6943	4112	5438	3240	4706	8221	8424
AT5G40250.1	RING/U-box superfamily protein	2.95E-01	1.11	27	1	1	1244	1186	1060	1036	838	621	1600	1658	392	1427	232	64
AT5G21150.1	AGO9 - Argonaute family protein	2.96E-01	1.20	26	1	1	18308	22055	15414	19830	2901	3525	14999	19083	19272	20446	11083	13299
AT1G54520.1	unknown protein	2.96E-01	1.53	50	1	1	1034	1430	2797	1783	407	1277	1226	1249	610	89	1234	1307
AT3G20320.1;AT3G20320.2	TGD2 - trigalactosyldiacylglycerol2	2.97E-01	1.22	156	3	3	8296	9186	16421	18548	13817	13649	12586	13542	7113	7151	11568	13315
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	2.97E-01	5.44	134	3	2	358	310	196	224	1585	995	1018	885	9146	8587	143	167
AT3G13920.1;AT3G13920.2;AT3G13920.4	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	2.97E-01	1.95	641	14	2	205	142	1360	915	2044	527	492	528	4333	3327	798	623
AT1G60780.1;AT1G10730.1	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	2.97E-01	1.14	542	7	7	67791	71842	103211	95157	101904	90623	68930	68011	55079	60762	108809	104470
AT4G02480.1	AAA-type ATPase family protein	2.98E-01	1.45	71	2	2	3942	4273	3766	4716	1120	1781	2627	1293	1624	2054	2537	3359
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	2.99E-01	1.18	1694	28	3	86271	86222	112413	108790	46695	44253	73969	65086	109147	106107	111133	108009
AT2G42750.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	3.00E-01	1.30	62	1	1	8998	8427	19305	7948	7924	5984	5065	5061	6657	8013	10503	9843
AT5G61140.1	U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase	3.00E-01	2.64	23	1	1	406	506	494	80	2996	2820	544	339	71	67	1224	522
AT3G16470.1;AT3G16470.3	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	3.00E-01	1.16	35	1	1	10274	12455	11762	13447	5725	5330	10637	9084	11188	9908	14481	13031
AT1G14460.1	AAA-type ATPase family protein	3.01E-01	2.71	34	1	1	300	543	337	384	3204	3114	1636	1379	11376	6194	330	466
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	3.01E-01	1.16	87	2	2	8898	8830	10547	8980	5661	8292	7704	6036	4682	5473	9771	10620
AT3G63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	3.01E-01	1.14	74	1	1	19636	25549	32782	31375	29390	27269	33332	26752	22976	28769	40558	36565
AT5G27990.1	Pre-rRNA-processing protein TSR2, conserved region	3.01E-01	1.36	26	1	1	649	1055	797	266	1170	587	429	212	253	587	704	1148
AT3G28860.1	ATMDR1, ATMDR11, PGP19, MDR11, MDR1, ATPGP19, ABCB19, ATABCB19 - ATP binding cassette subfamily B1	3.02E-01	1.17	62	2	2	1770	2245	2187	3434	2865	2499	2972	3084	1240	1360	2044	2069
AT4G34920.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	3.03E-01	1.17	285	4	4	168412	146214	138933	139209	259292	227761	175643	164973	138211	141748	150905	153985
AT5G40740.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	3.03E-01	1.16	20	1	1	6489	6039	3715	3946	4381	4581	5015	5044	4618	4372	2874	3300
AT3G19190.1	ATATG2, ATG2 - autophagy 2	3.04E-01	1.29	20	1	1	3390	2778	1454	1804	1167	1284	2731	1950	3747	3543	1245	2067
AT5G66055.1	EMB16, EMB2036, AKRP - ankyrin repeat protein	3.04E-01	1.33	25	1	1	16489	17284	7104	19682	19549	28384	12699	16044	8579	5778	19376	19118
AT3G15640.1;AT3G15640.2	Rubredoxin-like superfamily protein	3.04E-01	1.15	32	1	1	10172	10525	9183	8663	12929	12419	15275	14720	20501	22589	0	306
AT5G18520.1	Lung seven transmembrane receptor family protein	3.04E-01	1.45	38	1	1	1287	1122	4425	3606	3619	3414	3014	2443	667	888	2402	2656
AT3G27190.1	UKL2 - uridine kinase-like 2	3.04E-01	1.27	69	2	1	1663	2375	1327	1282	430	463	1782	1930	1081	1058	29	64
AT3G54610.1	HAT1, GCN5, HAG1, HAC3, HAG01, BGT - histone acetyltransferase of the GNAT family 1	3.06E-01	2.94	68	1	1	4849	2032	2005	1794	4954	4191	2744	3037	26988	21099	1722	2663
AT5G06600.1;AT5G06600.3	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	3.06E-01	1.21	599	12	4	43912	43843	74730	59579	31891	30741	38041	38704	52961	72591	70294	71688
AT1G43190.1	PTB3 - polypyrimidine tract-binding protein 3	3.06E-01	1.19	77	2	2	32976	34606	29130	24884	17936	17308	18893	18351	19720	18843	28096	27405
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	3.06E-01	1.09	1424	15	4	507938	538274	569269	517075	458965	418978	429764	458295	346068	416045	551642	561605
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e family protein	3.07E-01	1.10	58	1	1	12740	12771	14727	13981	11819	10884	14193	10556	13076	13638	16191	16947
AT1G79010.1;AT1G16700.1	Alpha-helical ferredoxin	3.07E-01	1.14	25	1	1	15081	15701	12740	14049	13223	9866	16952	13748	19209	18478	11702	11834
AT1G68790.1	LINC3 - little nucleii3	3.07E-01	5.38	78	1	1	125	154	68	75	3155	5060	773	347	324	86	74	0
AT1G14850.1	NUP155 - nucleoporin 155	3.08E-01	1.43	71	1	1	1168	1112	2132	1085	3678	3309	2358	2106	491	573	1725	1494
AT2G37700.1;AT2G37700.2	Fatty acid hydroxylase superfamily	3.08E-01	1.41	72	3	1	964	1504	4078	1588	2210	1142	1279	1825	724	0	1616	2680
AT4G10120.1	ATSPS4F - Sucrose-phosphate synthase family protein	3.08E-01	1.22	157	3	3	17872	16497	19013	16606	15339	15028	18062	13859	28829	29145	18661	13661
AT1G14410.1	ATWHY1, PTAC1, WHY1 - ssDNA-binding transcriptional regulator	3.08E-01	1.15	105	3	1	21366	26506	32142	28075	21179	19189	15592	16934	10754	11987	37716	35647
AT2G20190.1	ATCLASP, CLASP - CLIP-associated protein	3.08E-01	3.42	75	2	1	306	263	974	606	423	201	736	248	3888	4113	253	261
AT2G45810.1;AT3G61240.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	3.09E-01	1.17	64	2	2	38592	36072	30784	19622	22829	27227	21538	20577	22157	20841	32449	32157
AT4G35850.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	3.10E-01	1.18	59	2	2	1132	1487	1732	837	2573	2775	1744	2098	1748	1546	2995	2314
AT3G56190.1;AT3G56450.1	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	3.11E-01	1.15	155	2	2	36903	37526	56367	42968	57704	61756	47467	46486	29122	42958	43226	46298
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	3.11E-01	1.10	1519	20	9	497594	471674	551503	455490	478675	508952	455571	459298	708458	624226	494274	517156
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	3.11E-01	1.16	312	5	5	105169	113077	161830	96841	84312	83160	75594	81781	72625	79378	129239	115190
AT2G36870.1	XTH32 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	3.11E-01	1.34	47	1	1	1156	1404	1076	1224	164	616	622	850	0	129	1543	1080
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	3.14E-01	1.25	404	5	5	183229	171934	180314	196093	122830	134850	159862	164727	139251	153715	297955	316202
AT1G52320.2;AT1G52320.1	unknown protein	3.14E-01	1.30	264	4	4	14592	12637	9361	6344	12978	11351	11358	10330	19197	26444	10994	9310
AT5G58210.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	3.14E-01	1.20	30	1	1	7893	6372	4182	5754	8279	4386	5267	7135	8540	10544	7805	4841
AT1G09080.2	BIP3 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	3.15E-01	1.13	25	1	1	15759	15345	10906	10323	9021	8494	11378	15061	16612	10749	13175	11684
AT1G69500.1	CYP704B1 - cytochrome P450, family 704, subfamily B, polypeptide 1	3.15E-01	1.28	21	1	1	12094	13578	13156	16158	1284	483	6757	7306	21661	21038	6775	9119
AT2G16940.1	Splicing factor, CC1-like	3.16E-01	1.13	61	1	1	4847	5254	3660	4593	4012	4183	4124	4193	5931	6825	4140	4758
AT1G01790.1	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	3.16E-01	1.08	583	9	8	74122	75398	103579	86988	88181	85022	92820	92966	67478	70022	75847	75858
AT4G38200.1;AT4G35380.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	3.16E-01	1.20	94	3	3	4890	5832	7664	5915	10588	7882	8823	6588	2790	3223	7749	6388
AT1G11750.1;AT1G11750.2	CLPP6, NCLPP1, NCLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	3.16E-01	1.18	80	1	1	7717	9634	6127	10948	6062	6459	6965	5943	3739	5095	9458	8686
AT5G16660.1	unknown protein	3.18E-01	1.07	64	1	1	4046	4377	9573	9872	111	979	3693	4433	7599	5793	4072	5502
AT2G20860.1	LIP1 - lipoic acid synthase 1	3.18E-01	1.15	29	1	1	1141	1688	1362	1355	892	1347	1355	1154	814	775	1507	1185
AT1G12930.1	ARM repeat superfamily protein	3.19E-01	1.15	36	1	1	465	644	498	480	2038	2189	1575	1151	1580	1362	759	845
AT1G34000.1	OHP2 - one-helix protein 2	3.19E-01	1.14	46	1	1	4223	4837	7053	5878	4398	4734	4742	4152	2792	3369	6531	5604
AT3G11940.1	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	3.19E-01	1.08	469	4	1	136380	137455	169306	124343	135109	125469	111653	116668	137791	164954	117675	119459
AT1G17720.1;AT1G17720.2	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	3.19E-01	1.14	168	4	3	27468	28582	44130	29595	51737	34363	37139	35875	48237	56097	36064	32872
AT4G15415.1	ATB' GAMMA - Protein phosphatase 2A regulatory B subunit family protein	3.20E-01	1.17	26	1	1	324	363	629	431	501	425	678	525	206	278	337	270
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	3.20E-01	1.66	40	1	1	1252	1410	2374	1534	903	849	1337	832	981	1935	4620	4076
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	3.20E-01	1.26	70	2	2	1380	1823	2910	2549	208	178	1222	1486	833	1514	2876	3477
AT1G07890.1	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	3.21E-01	1.12	161	4	4	21633	26365	21179	20399	19030	20301	25777	22279	18421	24699	13025	10536
AT1G07470.1	Transcription factor IIA, alpha/beta subunit	3.21E-01	1.45	139	1	1	85186	62014	25077	22134	142776	114959	76212	101472	64284	58525	5248	5911
AT3G01290.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	3.22E-01	1.25	53	1	1	5078	6218	12597	11051	636	787	9644	8511	9188	11850	2890	3361
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase ii	3.23E-01	1.37	41	1	1	5907	5248	4825	5326	1796	1392	5939	6711	8016	7879	2648	2483

AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	3.23E-01	1.20	53	2	2	31562	32082	24108	24209	47732	44806	36617	42322	28254	32734	14728	15164
ATMG00470.1	ORF122A - hypothetical protein	3.24E-01	1.20	30	1	1	1687	3533	3315	2499	2776	3663	2524	2064	3116	2935	1122	2780
AT4G33625.1	unknown protein	3.25E-01	98.18	32	1	1	0	0	0	0	55	1264	0	0	0	0	0	13
AT1G71840.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.25E-01	1.60	60	1	1	11438	8705	2454	2238	15219	16345	4077	8560	1555	519	9554	10971
AT5G44180.1	Homeodomain-like transcriptional regulator	3.25E-01	2.08	24	1	1	48	580	36	126	605	118	359	580	1296	794	65	58
AT1G72730.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	3.26E-01	1.47	464	10	1	19747	21174	8539	9972	31079	38581	20082	20384	9686	8228	14905	14637
AT3G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	3.26E-01	1.27	21	1	1	1365	1635	1535	1764	1968	2160	2697	2556	1228	3471	1398	1890
AT5G60540.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	3.27E-01	1.13	49	1	1	1483	1717	400	277	3903	4549	4228	3470	2814	3370	0	0
AT4G36630.1	EMB2754 - Vacuolar sorting protein 39	3.28E-01	1.11	54	1	1	4466	3900	7604	4915	4896	5382	5867	4154	6531	6217	6440	5484
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	3.28E-01	1.11	112	2	2	46014	42330	50645	44471	36158	34476	26416	27794	48018	52057	37576	36074
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	3.28E-01	1.13	108	2	1	145930	153095	160371	144315	229391	213740	216264	226786	201436	227434	27896	24343
AT1G55300.1	TAF7 - TBP-associated factor 7	3.29E-01	1.17	63	1	1	14208	11029	8262	7013	12099	13482	8622	9643	8313	13472	7981	8436
AT1G78760.1	F-box/RNI-like superfamily protein	3.30E-01	1.26	22	1	1	27417	24054	39784	33399	19477	25801	23615	22545	33566	27577	54786	52004
AT2G37170.1;AT2G37180.1	PIP2B, PIP2;2 - plasma membrane intrinsic protein 2	3.30E-01	1.44	117	2	1	14281	12624	19456	19324	44253	46829	21957	24900	11467	8181	20302	22233
AT2G32060.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	3.30E-01	1.18	94	1	1	13460	9965	8165	6483	12655	10704	7154	7474	14209	12194	5697	5424
AT1G23180.1	ARM repeat superfamily protein	3.31E-01	1.16	293	5	5	51905	53396	84524	66266	39968	37120	57909	60121	41986	65555	80455	79474
AT3G56340.1;AT2G40510.1	Ribosomal protein S26e family protein	3.31E-01	1.92	76	2	2	1394	1482	5737	5996	1363	1141	1493	1891	10216	14398	2994	1930
AT5G10720.1	AHK5, CKI2, HK5 - histidine kinase 5	3.32E-01	1.17	32	1	1	10468	8189	7947	14974	9830	10228	8856	8845	4899	3213	13739	13081
AT1G05520.1;AT3G23660.1;AT3G23660.2	Sec23/Sec24 protein transport family protein	3.32E-01	1.26	210	5	3	19952	19133	28785	22597	10791	10949	12527	11841	15619	17542	15895	15655
AT2G20990.2;AT2G21010.1	SYTA - synaptotagmin A	3.32E-01	1.23	111	3	3	8421	11941	14270	13872	6101	7368	9939	10496	5760	9073	8814	6321
AT4G36220.1	FAH1, CYP84A1 - ferulic acid 5-hydroxylase 1	3.33E-01	1.23	90	2	1	6304	5510	21290	11572	10062	5947	7640	7222	11955	20107	13846	14168
AT1G19450.1	Major facilitator superfamily protein	3.33E-01	1.39	49	1	1	1648	1468	3099	2724	7227	8316	6029	5994	2444	2246	449	431
AT4G33530.1	KUP5 - K+ uptake permease 5	3.33E-01	1.17	111	2	1	2980	2002	8843	5187	7328	6729	4645	5311	7993	8103	7202	5533
AT5G27770.1;AT3G05560.1	Ribosomal L22e protein family	3.33E-01	1.29	24	1	1	1637	1098	1365	978	626	451	642	951	391	95	1438	1269
AT2G36850.1	ATGSL08, GSL8, GSL08, ATGSL8, CHOR - glucan synthase-like 8	3.34E-01	1.38	47	1	1	123	364	1135	1075	688	615	380	660	142	0	952	773
AT5G60640.1;AT5G60640.3	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	3.34E-01	1.48	123	3	2	14307	13516	6333	4486	3844	4149	5489	6226	7377	6510	3574	2418
AT5G39500.1	GNL1, ERMO1 - GNOM-like 1	3.35E-01	1.22	23	1	1	459	559	1220	916	1058	1953	1077	2212	646	828	164	141
AT4G24830.1;AT4G24830.2	arginosuccinate synthase family	3.35E-01	1.14	101	3	3	52731	41682	69564	63431	22883	25212	45892	40154	53392	52928	62457	59128
AT3G05680.2;AT3G05680.1	EMB2016 - embryo defective 2016	3.35E-01	1.41	78	2	2	748	689	929	735	246	205	960	209	1118	805	962	953
AT2G02103.1	unknown protein	3.35E-01	1.36	26	1	1	19063	12787	7006	6719	3542	3448	4501	3496	2469	860	15431	11939
AT3G26290.1;AT3G26300.1	CYP71B26 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 26	3.36E-01	1.40	58	2	2	4066	4048	4591	4282	11320	13065	7997	8183	3348	3633	2770	3634
AT1G50575.1	Putative lysine decarboxylase family protein	3.36E-01	1.38	41	1	1	2595	1534	4518	2727	1493	1099	1351	1928	2557	2979	4080	6440
AT3G12780.1;AT1G56190.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	3.36E-01	1.07	540	10	9	199185	201782	172935	171829	182383	182715	203045	233461	168650	174612	214627	188759
AT2G26990.1	FUS12, ATCSN2, COP12, CSN2 - proteasome family protein	3.36E-01	1.22	346	4	4	465471	456947	468891	404141	901098	848180	617409	587511	378042	417882	457298	436092
AT5G41670.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	3.38E-01	1.99	46	1	1	600	822	3708	2540	119	235	2100	2033	6051	5146	424	233
AT3G28715.1;AT3G28710.1;AT3G28715.2	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	3.38E-01	1.15	421	7	7	159247	164011	292502	243226	239498	231183	229729	229249	136440	138788	211823	208889
AT5G51300.1	splicing factor-related	3.38E-01	1.08	178	4	3	144059	158560	159568	134848	112007	121008	115559	113966	127326	139542	143162	130232
ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	3.40E-01	1.09	537	5	5	987791	889114	1751413	1333098	1236053	1136315	1263294	1118078	1343710	1354100	1496481	1415288
AT1G69410.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	3.40E-01	1.16	23	1	1	0	137	26	77	3773	1431	1388	814	3447	2877	55	40
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	3.40E-01	1.36	333	4	1	38883	33980	24105	24712	10093	7911	20283	14402	29221	21563	57088	46785
AT1G04340.1;AT5G43460.1	HR-like lesion-inducing protein-related	3.41E-01	Infinity	36	1	1	0	0	0	0	1121	0	0	0	0	0	0	0
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	3.41E-01	1.10	1310	20	15	389073	303695	308407	296874	408877	341148	311481	344369	374424	377448	213694	235369
AT3G04520.1	THA2 - threonine aldolase 2	3.42E-01	3.11	25	1	1	2544	2119	3898	1622	1279	1565	2239	2759	20544	12681	755	1482
AT4G36210.3;AT4G36210.1	Protein of unknown function (DUF726)	3.42E-01	1.31	60	2	2	2310	3613	4466	5593	7761	7806	6666	5100	3100	3975	2000	3218
AT2G42700.1	unknown protein	3.43E-01	1.23	31	1	1	767	353	1776	3013	996	539	1507	2024	671	1848	2231	879
AT5G07430.1	Pectin lyase-like superfamily protein	3.43E-01	1.16	26	1	1	2233	1300	7510	7640	6853	8921	7868	6839	5289	4860	8078	6875
AT4G10340.1	LHCB5 - light harvesting complex of photosystem II 5	3.44E-01	1.19	289	6	6	61927	68922	97909	84351	124629	136519	104150	97830	61107	73856	79089	65066
AT2G14120.1	DRP3B - dynamin related protein	3.45E-01	1.11	186	4	3	7251	8065	10617	9087	9515	8986	8027	8780	8792	8876	13020	12012
AT4G14680.1	APS3 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	3.45E-01	1.09	25	1	1	15382	16023	21944	17459	18044	22380	18187	17427	25506	18768	21218	19683
AT5G40160.1	EMB139, EMB506 - Ankyrin repeat family protein	3.45E-01	1.10	67	1	1	54566	38530	50419	34922	32776	24932	34564	40609	46374	44840	49053	45417
AT4G27500.1	PPI1 - proton pump interactor 1	3.45E-01	2.11	85	1	1	1796	1146	1019	412	14172	10627	4182	3959	2885	2633	0	194
AT3G14067.1	Subtilase family protein	3.45E-01	1.15	242	4	4	96944	96177	126807	104747	69556	56270	78537	84914	92334	109402	126954	140930
AT3G05530.1;AT1G09100.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	3.46E-01	1.09	114	2	2	10416	8733	12597	7484	9146	8397	8492	9679	10811	12532	11106	9298
AT1G69410.1	ATELF5A-3, ELF5A-3 - eukaryotic elongation factor 5A-3	3.47E-01	2.14	31	1	1	0	59	1	25	1504	1495	210	365	3731	2283	9	9
AT2G45740.1	PEX11D - peroxin 11D	3.47E-01	1.38	55	1	1	2328	2821	1869	1676	17561	20483	11992	11620	4957	5093	27	57
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	3.48E-01	1.08	839	12	10	579658	500591	395700	448810	496756	502493	483608	508699	455980	499834	334804	420505
AT5G43380.1	TOPP6 - type one serine/threonine protein phosphatase 6	3.48E-01	1.25	25	1	1	548	576	426	405	921	2403	1552	1420	841	171	180	54
AT5G19140.1	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	3.48E-01	1.14	31	1	1	8239	7690	11213	8155	7708	6899	8813	7461	7295	8871	10493	13990
AT3G09810.1;AT5G03290.1	IDH-VI - isocitrate dehydrogenase VI	3.48E-01	1.09	53	2	2	7428	9632	9931	10480	8916	10911	7943	10057	9834	11100	11075	12236
AT1G29400.1	AML5, ML5 - MEI2-like protein 5	3.49E-01	1.46	77	1	1	4176	4372	2325	2177	8800	8048	4055	3863	3444	3986	2909	2274
AT4G33510.1;AT4G33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	3.49E-01	1.20	376	6	6	103534	97626	108373	86537	54081	49888	60690	55061	79308	73048	71286	76165
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	3.49E-01	1.17	845	18	18	419318	427230	546428	500719	299959	303099	428480	410542	606297	719526	392264	361502
AT1G12470.1	zinc ion binding	3.49E-01	1.27	166	3	3	7777	8194	22950	17001	14180	12855	9563	10732	8416	8152	14044	14243
AT4G26630.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	3.50E-01	1.61	67	2	2	9068	8485	2951	4469	18341	16933	8199	8015	3985	4791	6474	6026
AT1G62440.1	Vacuolar calcium-binding protein-related	3.50E-01	2.74	33	1	1	3178	3463	352	322	17146	13561	5637	5769	1254	844	155	208
AT2G34970.1	Trimeric LpxA-like enzyme	3.50E-01	1.15	299	3	3	39371	33384	39869	31720	63338	52630	43111	35936	32860	36789	37926	39553
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	3.51E-01	1.06	1819	25	25	1292117	1315134	1647888	1598374	1340570	1297378	1367802	1333906	1175294	1320682	1403543	1429596
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.51E-01	1.13	78	2	2	8564	7975	7374	5655	12268	12439	11252	12746	11115	10497	1214	1212
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	3.51E-01	1.17	175	4	2	2852	2885	3940	3158	1198	1845	2447	2631	2703	2602	4777	3483
AT4G12010.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	3.51E-01	1.13	24	1	1	2192	2425	4255	3195	1419	2404	2805	2115	3436	3230	3219	3101
AT5G15650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	3.52E-01	1.13	295	7	4	11033	11618	18020	16175	27093	27648	20220	19887	23835	26429	16557	18725
AT1G01140.3	CIPK9, PKS6 - CBL-interacting protein kinase 9	3.52E-01	2.35	25	1	1	4259	3885	2413	2826	12410	12391	14175	15501	29362	27042	1886	1767
AT3G11670.1	DGD1 - UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	3.53E-01	1.14	21	1	1	2055	2123	2538	2953	593	515	2428	1813	2081	1447	2112	2367
AT5G42260.1	BGLU12 - beta glucosidase 12	3.54E-01	2.06	27	1	1	2441	2847	1454	2003	9578	5886	6295	4585	16972	18746	1714	1551
AT3G19520.1	Protein of unknown function (DUF626)	3.55E-01	1.76	21	1	1	845	1524	739	599	4396	3310	1437	1044	644	293	1375	1708
AT5G56280.1	CSN6A - COP9 signalosome subunit 6A	3.55E-01	1.28	75	1	1	8838	8711	7519	6780	16782	18158	11995	12014	8671	7082	6002	6564
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	3.56E-01	1.12	103	2	2	15887	14904	29923	21118	12578	16524	17543	16924	17284	25133	24971	22710
AT1G61150.1	LisH and RanBPM domains containing protein	3.56E-01	1.10	73	2	2	4671	5805	5676	5731	4791	4746	6284	6202	6182	6764	4669	4342
AT2G16485.1	nucleic acid binding;zinc ion binding;DNA binding	3.56E-01	1.26	69	1	1	29397	32304	17484	18447	47893	39540	33067	33163	16634	15839	22618	25984
AT2G33470.1	GLTP1, ATGLTP1 - glycolipid transfer protein 1	3.56E-01	1.21	20	1	1	1093	2897	1931	2171	2823	2144	1783	2699	1433	2157	1407	1313
AT5G04900.1	NOL - NYC1-like	3.57E-01	1.27	20	1	1	358	532	131	321	187	182	102	141	82	161	329	535
AT5G14060.1	CARAB-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	3.57E-01	1.14	129	2	2	10875	12072	20584	14056	19648	16350	11517	11803	14031	15845	13833	14777
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	3.57E-01	1.24	149	4	3	11095	11955	18256	9424	14522	5946	8035	5744	8573	11609	9549	13990
AT1G20970.1	unknown protein	3.58E-01	1.30	366	6	6	68046	66168	39132	31216	99553	88851	60951	67400	55267	27431	48295	43259
AT5G58310.1	ATMES18, MES18 - methyl esterase 18	3.58E-01	1.21	32	1	1	101740	87561	133371	84905	53477	54880	71135	65631	60918	66436	83982	77098
AT2G36325.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.60E-01	1.21	48	2	1	314437	323953	218728	212522	163562	130563	203285	216976	190142	158090	176695	179173
AT1G58290.1	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	3.60E-01	1.22	27	1	1	129	110	20	0	1971	1736	1444	1312	1001	997	24	50
AT5G59100.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	3.60E-01	1.19	25	1	1	405	215	175	491	634	651	130	330	35	191	601	873
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.63E-01	1.64	104	1	1	8888	9691	21670	9848	3903	2548	3581	3417	4720	6388	8320	8071
AT1G35620.1	ATPDIL5-2, ATPDIB, PDIB, PDIL5-2 - PDI-like 5-2	3.63E-01	1.26	33	1	1	3087	3161	3975	3314	8871	5565	5193	3732	4884	5373	1282	1682
AT4G15545.1	unknown protein	3.63E-01	1.27	704	10	9	1511045	1359103	1373507	1077363	1321254	1033695	1494512	1503328	2486119	2331652	1054789	857455
AT3G08947.1	ARM repeat superfamily protein	3.63E-01	1.12	1031	14	1	106698	109158	157799	145951	153672	153920	140258	126865	78236	101168	147481	147292
AT1G19120.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	3.64E-01	1.38	27	1	1	682	812	1027	701	104	405	658	733	370	475	1287	1612
AT5G43900.2	MYA2 - myosin 2	3.64E-01	1.13	23	1	1	55527	58419	43748	41546	32569	39813	46589	45844	45323	45948	29385	26597
AT4G36940.1	NAPRT1 - nicotinate phosphoribosyltransferase 1	3.64E-01	1.35	23	1	1	15475	14461	14969	11273	4224	6300	7362	6139	7049	4530	13208	11132

AT1G53840.1	ATPME1, PME1 - pectin methylesterase 1	3.66E-01	1.17	51	1	1	1746	687	2099	1935	1305	1514	1260	2223	376	234	1387	2468
AT1G54610.2	Protein kinase superfamily protein	3.66E-01	1.14	31	1	1	10081	13531	9142	9152	9564	16521	7714	7754	10424	14086	9945	9552
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	3.66E-01	2.40	81	1	1	2299	2408	729	1246	27266	22754	8448	11181	58029	55757	1666	1148
AT2G16920.1	UBC23, PFU2 - ubiquitin-conjugating enzyme 23	3.67E-01	1.40	77	1	1	5019	4737	6029	5326	6777	5944	7042	9521	11510	12156	3604	3467
AT3G29400.1	ATEXO70E1, EXO70E1 - exocyst subunit exo70 family protein E1	3.67E-01	1.30	57	1	1	806	693	1043	497	167	206	348	460	226	0	879	705
AT5G65790.1	ATMYB68, MYB68 - myb domain protein 68	3.68E-01	1.14	23	1	1	8801	11670	10844	10945	12632	6327	10122	8653	10126	10897	7208	6608
AT4G16143.1	IMPA-2 - importin alpha isoform 2	3.68E-01	1.08	679	9	8	216812	215482	260523	206192	204854	224572	207317	201319	130386	181349	265741	239677
AT5G11150.1	ATVAMP713, VAMP713 - vesicle-associated membrane protein 713	3.68E-01	1.50	26	1	1	1793	1192	5405	3137	4424	6672	2892	3596	1337	2759	2402	2050
AT2G27720.1;AT2G27720.2	60S acidic ribosomal protein family	3.68E-01	1.23	1094	12	8	1375167	1241125	1684451	1170010	726413	759522	1125572	1117325	2097316	2223375	1053083	953978
AT5G28540.1;AT5G42020.1	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	3.68E-01	1.55	451	8	5	11318	9974	8592	7895	118143	111912	48475	51090	142291	153482	11165	9829
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	3.68E-01	1.11	234	4	1	128772	89499	85053	89636	107767	77989	99692	106371	135846	135904	17371	25705
AT3G05130.1	unknown protein	3.69E-01	1.07	26	1	1	588	463	4653	5218	78	97	1004	742	3322	3839	750	673
AT1G63610.1	unknown protein	3.70E-01	1.30	38	1	1	2638	3480	3931	2659	1190	1518	1251	1753	1613	2091	2160	3017
AT1G68020.1	ATTPS6, TPS6 - UDP-Glycosyltransferase / trehalose-phosphatase family protein	3.70E-01	1.28	93	2	1	781	1427	997	650	1899	2095	806	850	661	433	1844	1523
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	3.71E-01	1.10	323	7	7	51853	52289	66622	64416	45639	40327	45949	46938	54378	55130	45980	43827
AT3G43590.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	3.71E-01	1.18	55	1	1	9366	9331	5497	5036	9403	10125	6489	8115	6144	8379	8290	3756
AT2G33170.1	Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase family protein	3.71E-01	1.17	23	1	1	5460	6377	3289	6615	5365	7216	6414	6505	4180	2058	5650	4444
AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	3.71E-01	1.06	508	7	7	487207	507144	463144	409575	643551	646309	596215	530292	511769	608682	549813	563007
AT4G39040.1	RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain protein	3.72E-01	2.19	115	3	3	3822	4301	2795	2562	3597	2059	3312	3147	16940	14794	1916	1845
AT3G20250.1	APUM5, PUM5 - pumilio 5	3.72E-01	2.88	39	1	1	0	118	350	429	1515	1291	1285	1153	3710	4387	29	98
AT5G22950.1	VPS24.1 - SNF7 family protein	3.72E-01	1.06	186	3	3	50905	58016	46036	41657	52244	50170	46830	51078	44821	53928	41669	43779
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	3.73E-01	1.11	320	5	5	114706	111472	183808	146002	169500	161990	138968	129551	168706	215358	172204	156834
AT5G46580.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	3.73E-01	1.13	44	1	1	2080	2019	2589	2283	3564	2342	3989	2769	2083	2833	717	821
AT2G43750.1;AT3G59760.1	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	3.73E-01	1.12	94	2	2	8495	9703	15523	12255	13383	14496	11223	13001	9944	11262	10870	9438
AT4G38970.1;AT4G38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	3.74E-01	1.15	1035	14	7	1315755	1270875	1830339	1502859	847537	866831	1179657	1149946	1140854	1412676	1942535	1980283
AT5G14030.1	translocon-associated protein beta (TRAPB) family protein	3.75E-01	1.28	100	2	2	3762	4113	3689	3665	9158	9249	5722	5576	5706	5776	1817	1589
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	3.76E-01	1.25	38	1	1	1409	1538	2560	2242	1342	1891	2075	1901	1249	1671	3907	2950
AT2G48010.1	RKF3 - receptor-like kinase in in flowers 3	3.77E-01	1.15	27	1	1	11765	12071	7828	9670	2370	1755	7672	6346	12754	11551	7691	6268
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	3.77E-01	1.08	1493	20	17	321414	318223	432241	325957	347170	294687	294308	275357	275563	291356	382774	375425
AT4G33010.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	3.78E-01	1.12	145	4	4	18891	21068	25776	22831	15670	13287	20593	18316	15881	24114	27669	25379
AT1G66240.1	ATX1, ATATX1 - homolog of anti-oxidant 1	3.78E-01	1.05	59	1	1	1022	1399	2160	2254	126	37	1209	1332	721	1370	1079	927
AT4G24800.1	MA3 domain-containing protein	3.78E-01	1.09	245	5	4	54716	53684	86424	65898	67936	70508	57746	63860	51938	68180	60852	64106
AT1G07901.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa -	3.79E-01	1.93	30	1	1	10961	9902	1708	2048	13424	16947	6023	6997	3412	1977	4403	5723
AT4G00800.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.79E-01	1.18	175	2	2	18625	17985	22213	11843	16158	12772	12300	15856	23111	29766	16670	19623
AT2G06850.1;AT5G13870.1	EXGT-A1, EXT, XTH4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 4	3.80E-01	1.17	294	5	5	22181	22296	36717	28086	19554	15335	16934	14481	15577	17154	29903	29024
AT5G49720.1	ATGH9A1, TSD1, DEC, KOR, RSW2, IRX2, KOR1, GH9A1 - glycosyl hydrolase 9A1	3.81E-01	1.17	42	1	1	10236	10450	18840	21593	11817	11024	9868	7800	6892	6806	24541	16074
AT5G53460.1	GLT1 - NADH-dependent glutamate synthase 1	3.81E-01	1.39	25	1	1	495	375	543	465	401	458	688	641	331	242	1036	873
AT2G22360.1	DNAJ heat shock family protein	3.81E-01	1.23	52	2	1	1895	1811	3508	2456	1044	1226	1981	1823	2617	2295	573	385
AT5G13310.1	unknown protein	3.83E-01	4.33	23	1	1	176	194	217	226	226	321	95	207	2973	1880	166	110
AT1G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	3.83E-01	1.08	144	2	2	242593	234707	235594	223489	195597	194735	191793	189374	159527	149913	266987	270234
AT5G27640.1;AT5G27640.2	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	3.84E-01	1.13	331	5	2	450969	348382	259588	259763	565578	411399	409628	411086	521733	546541	62856	82831
AT3G56410.2	Protein of unknown function (DUF3133)	3.84E-01	1.79	23	1	1	1452	1741	616	358	1699	404	4318	5035	268	1558	0	24
AT2G03430.1	Ankyrin repeat family protein	3.84E-01	1.35	27	1	1	891	320	416	168	354	396	404	352	373	45	437	276
AT1G78240.1	TSD2, QUA2, OSU1 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	3.86E-01	1.12	50	2	1	8369	7130	9512	7561	11800	10480	11419	10797	8199	7017	5405	6271
AT2G25010.1	Aminotransferase-like, plant mobile domain family protein	3.86E-01	1.09	27	1	1	24945	28040	33269	33477	25583	26389	23409	25103	17128	21198	37264	32929
AT4G22505.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	3.87E-01	1.50	94	1	1	4491	7830	11104	10546	10448	11741	8372	9093	24299	28178	7648	6431
AT1G14030.1	Rubisco methyltransferase family protein	3.87E-01	1.12	278	7	7	25786	26897	29887	30245	34837	48382	33405	34415	24660	26745	27691	28046
AT1G01320.2;AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.87E-01	1.14	680	12	11	497207	507483	528278	429972	223625	209122	401905	413173	550460	628058	369177	368481
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.87E-01	1.10	399	9	9	50086	44132	42209	48561	66864	61979	49430	62665	79204	65665	14271	13037
AT5G16070.1;AT3G02530.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	3.87E-01	1.53	76	2	2	646	625	185	144	3906	4350	3173	2305	3995	4965	366	254
AT1G45201.1;AT1G45201.2	ATTLL1, TLL1 - triacylglycerol lipase-like 1	3.88E-01	1.22	395	6	6	282975	281911	320547	312027	579320	632193	429714	418386	256632	290082	290817	291873
AT5G17900.1;AT4G08580.1	microfibrillar-associated protein-related	3.89E-01	1.14	48	1	1	21699	23126	20074	20230	5479	5367	13610	17357	25368	23580	14421	15506
AT5G38690.1	Zinc-finger domain of monoamine-oxidase A repressor R1 protein	3.90E-01	1.98	29	1	1	785	232	626	640	6351	5870	1209	1428	11918	12379	527	1271
AT4G23460.1	Adaptin family protein	3.90E-01	1.10	982	17	2	28874	31477	28739	26869	41297	34013	36587	33586	30214	32517	20886	20354
AT5G19050.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.90E-01	1.48	43	1	1	2296	1961	1584	521	3866	3684	2175	1578	579	652	2484	1957
AT3G25500.1	AFH1, FH1, AHF1, ATFH1 - formin homology 1	3.93E-01	1.76	21	1	1	87	773	329	565	1540	1354	1036	262	46	402	411	481
AT1G68370.1	ARG1 - Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	3.93E-01	1.13	32	1	1	1852	2636	2061	2912	3176	2643	2522	2518	1485	1240	2566	3240
AT5G01800.1	saposin B domain-containing protein	3.94E-01	1.25	38	1	1	13419	11242	24030	19151	18351	16755	22709	24314	22386	34994	12231	12006
AT5G02310.1	PRT6 - proteolysis 6	3.94E-01	1.14	42	1	1	626	472	594	1063	772	2016	1235	1445	242	9	1185	762
AT1G67580.1	Protein kinase superfamily protein	3.95E-01	2.01	22	1	1	569	270	185	461	5461	5396	2178	3368	9567	9205	237	303
AT2G16950.1	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	3.95E-01	1.07	1096	16	16	454210	467516	600651	562677	524422	490939	603643	560318	351842	435477	492796	446040
AT1G29260.1	PEX7, ATPEX7 - peroxin 7	3.95E-01	1.19	98	2	2	5009	4498	6913	6335	4842	3475	6298	5130	9290	7899	4572	3809
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	3.96E-01	1.36	60	1	1	3645	4103	4863	4577	1264	1672	2730	2861	1158	1662	3308	3040
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	3.96E-01	1.14	307	6	6	39542	39240	44650	40665	64569	71931	48664	45921	47276	45722	39654	36162
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	3.96E-01	1.16	392	9	9	68957	68168	84437	99933	105759	140313	134369	125796	122289	129909	66692	79530
AT2G13690.1	PRLI-interacting factor, putative	3.98E-01	1.26	38	1	1	15422	18624	21523	25596	12523	17697	21315	23691	12518	13913	34536	33838
AT3G47430.1	PEX11B - peroxin 11B	3.98E-01	1.04	54	1	1	2671	2653	8385	7452	461	615	3850	3930	2610	2801	4107	3985
AT1G70770.1	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	4.00E-01	1.10	222	3	3	116388	121891	155429	118853	158508	119394	126734	116709	162056	201834	57716	52377
AT1G71810.1	Protein kinase superfamily protein	4.00E-01	1.17	21	1	1	5770	5335	4764	5688	3085	2861	3823	5239	4536	3116	3216	3618
AT4G37830.1	cytochrome c oxidase-related	4.00E-01	1.07	35	1	1	2903	3942	7146	8137	1701	1345	4184	3357	4302	4979	5460	4697
AT2G04030.1;AT2G04030.2	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	4.01E-01	1.05	1014	20	19	304574	304787	328374	306576	265186	248788	311489	274826	257955	262317	289462	280936
AT2G34620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	4.01E-01	1.22	26	1	1	1131	1162	692	717	1369	1962	1276	1477	379	711	1073	829
AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	4.01E-01	1.13	193	2	2	279482	318305	434313	361254	430480	370454	432542	398302	550563	471158	336091	280020
AT5G22220.2	E2F1, E2FB, ATE2FB - E2F transcription factor 1	4.02E-01	1.19	35	1	1	1906	898	1380	1204	2244	2253	2137	1801	1659	1542	614	522
AT5G13460.1	IQD11 - IQ-domain 11	4.03E-01	1.96	23	1	1	1333	217	20	572	11307	5028	3231	3410	1313	1479	0	0
AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	4.03E-01	1.95	172	2	2	15588	10319	6388	7470	34420	22217	30164	27318	60446	59197	5321	5692
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	4.04E-01	1.07	220	5	5	57520	48923	49904	42924	58303	67296	56428	53130	45794	46812	50816	49619
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	4.07E-01	1.12	62	1	1	7219	6951	7470	6575	11370	7005	8592	7847	3284	2867	9543	9353
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	4.08E-01	1.10	84	1	1	11513	15055	11902	12209	17656	19206	17940	19804	15837	18619	3708	3615
AT3G24430.1	HCF101 - ATP binding	4.09E-01	1.06	494	7	7	194208	186820	234038	187690	188936	180905	185600	179593	183069	224861	230870	243420
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	4.09E-01	1.16	464	6	6	509934	570204	601224	601864	981241	1012097	768206	774088	847275	813304	243306	252413
AT5G39320.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	4.10E-01	1.10	39	1	1	2500	2479	3088	3760	3762	3582	3676	4233	3559	3994	2851	2696
AT5G16150.1	GLT1, PGLCT - plastidic GLC translocator	4.10E-01	1.30	24	1	1	2283	3339	3586	5963	6079	9126	4500	6617	2211	2137	3900	4053
AT5G52790.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	4.11E-01	1.13	25	1	1	21625	20861	36392	30002	10319	14080	20517	17527	22710	29131	32563	27733
AT2G27100.1	SE - C2H2 zinc-finger protein SERRATE (SE)	4.11E-01	1.12	33	1	1	10957	9528	12928	8886	14815	10304	9495	10574	11581	15297	11180	17343
AT2G39010.1	PIP2E, PIP2;6 - plasma membrane intrinsic protein 2E	4.12E-01	1.09	103	3	2	27420	23975	35908	33952	31172	25964	38049	34351	20812	19997	25763	24327
AT3G55060.1	unknown protein	4.13E-01	1.91	23	1	1	230	3	177	39	253	191	40	204	110	61	956	336
AT4G13940.1;AT4G13940.2;AT4G13940.3;AT4G	HOG1, EMB1395, SAHH1, MEE58, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	4.13E-01	1.19	1065	16	4	579721	560277	725337	566070	321770	310334	360092	379576	308485	382988	588927	564328
AT5G09660.1;AT5G09660.2;AT5G09660.3	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	4.14E-01	1.09	1260	17	17	2732149	2748383	3275764	2564350	2128449	2142147	2310626	2321524	2906686	3031611	1929929	1810266
AT4G39960.1	Molecular chaperone Hsp40/DnaJ family protein	4.14E-01	1.16	63	1	1	4559	4054	5394	5334	3448	3097	4100	4014	4134	3781	7673	6212
AT1G13440.1;AT1G13440.2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	4.15E-01	1.24	644	9	1	2420	2358	6542	6889	210	38	1351	1735	3657	2888	2915	2353
AT1G29220.1	transcriptional regulator family protein	4.15E-01	1.32	77	2	1	18121	8784	4017	5663	5654	4853	5668	13112	5102	2201	4053	5618
AT1G78680.1	ATGGH2, GGH2 - gamma-glutamyl hydrolase 2	4.15E-01	1.10	34	1	1	3771	4794	5833	4632	4827	5867	5505	4409	1998	1996	6385	6666
AT1G34760.1	GRF11, GF14 OMICRON, RHS5 - general regulatory factor 11	4.15E-01	1.11	102	2	1	3083	2945	4273	3144	2324	2259	2946	2643	2959	2868	2416	2368
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH:cytochrome B5 reductase 1	4.16E-01	1.19	116	2	2	13870	14216	29524	22448	12713	13157	15406	14984	10182	15834	15478	16807

AT3G55610.1	P5CS2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	4.17E-01	1.13	108	2	1	14113	14386	27535	18721	16188	11754	12894	14966	19592	19927	25208	23767
AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-containing protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	4.17E-01	1.38	38	1	1	2133	2127	1130	933	5956	5833	2709	3567	3403	2843	360	240
AT4G15090.1	FAR1 - FRS (FAR1 Related Sequences) transcription factor family	4.18E-01	1.79	22	1	1	2172	1993	1039	1187	203	350	869	845	322	265	788	789
AT4G18905.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	4.18E-01	1.23	59	1	1	17182	16444	7868	9595	18976	23300	19825	17048	10931	11349	8099	8870
AT1G13090.1	CYP71B28 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 28	4.19E-01	1.22	169	2	1	3102	3240	8592	6690	4649	5722	6328	4904	2892	1425	5281	5429
AT5G11200.3;AT5G11200.2	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	4.21E-01	2.44	73	1	1	2740	1811	675	680	11171	14323	3450	5471	636	707	1213	1367
AT1G19430.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.21E-01	1.22	59	2	2	118	70	2	112	3386	3349	876	1161	3064	3378	41	50
AT5G51430.1	EYE - conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	4.22E-01	1.14	298	4	4	17673	19029	30232	24684	17269	14318	20060	19599	14835	13914	21834	18004
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	4.22E-01	1.10	4155	51	10	321482	286286	522374	371819	418231	376340	319504	321540	279948	295314	430866	431714
AT3G05220.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	4.22E-01	1.11	24	1	1	22915	24222	27798	19050	5480	5137	24328	20802	11759	16833	21293	20631
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	4.23E-01	1.12	250	5	5	31185	30604	47115	33981	18123	17017	30750	28934	34268	48346	30819	25872
AT3G13530.1	MAPKKK7, MAP3KE1 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	4.23E-01	1.16	44	1	1	27830	26870	14452	15946	29237	27190	26407	26250	15760	14589	19956	18947
AT3G09920.1	PIP5K9 - phosphatidyl inositol monophosphate 5 kinase	4.23E-01	1.72	30	1	1	2764	3472	2919	2516	1561	1914	5142	5316	7188	8303	1	65
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	4.25E-01	1.23	55	1	1	8576	8142	23579	10121	9056	8434	5894	7430	7085	7318	16927	10605
AT3G47370.1;AT3G45030.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	4.25E-01	5.12	34	1	1	90	671	1304	1124	103	418	115	726	9578	7975	478	125
AT4G35790.1;AT4G35790.3	ATPLDDELTA, PLDDELTA - phospholipase D delta	4.27E-01	1.11	156	2	2	9786	12254	16034	16641	15412	18174	13358	12670	10034	10900	16545	15795
AT5G15720.1	GLIP7 - GDSL-motif lipase 7	4.27E-01	6.01	25	1	1	604	447	605	596	1439	1203	493	769	13580	13927	356	288
AT3G60320.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	4.27E-01	1.89	60	2	2	2221	1696	4205	4385	122	250	4181	6438	10025	2777	636	285
AT4G27585.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	4.28E-01	1.06	58	1	1	10352	10827	9473	7953	12634	9800	9251	10709	17327	14846	2644	2882
AT2G17790.1	VPS35A, ZIP3 - VPS35 homolog A	4.28E-01	1.06	534	9	9	103536	86345	141532	132608	122445	118167	124757	126105	131929	144334	115492	106788
AT2G07667.2	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; INVOLVED IN: biological_process unknown; LOC	4.29E-01	2.00	20	1	1	591	336	441	649	1081	1168	1462	1747	1841	2990	232	251
AT4G02120.1	CTP synthase family protein	4.30E-01	1.17	64	2	1	13003	15637	16739	16860	29668	26358	20184	20273	19723	21917	8767	10226
AT3G01180.1	AtSS2, SS2 - starch synthase 2	4.30E-01	1.04	68	2	2	16705	17674	19464	18075	14495	15085	16797	17694	18254	16366	18308	17837
AT1G49240.1;AT3G18780.1	ACT8 - actin 8	4.31E-01	1.08	1819	25	16	2743243	2790590	4210437	3955522	3360796	3291357	2959681	2965139	2738743	2947166	3578712	3641470
AT1G74380.1	XXT5 - xyloglucan xylosyltransferase 5	4.32E-01	1.58	22	1	1	213	103	456	558	2633	364	0	271	309	391	628	1140
AT4G33680.1	AGD2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	4.32E-01	1.34	38	1	1	2666	3991	5087	3041	3440	3579	2658	3375	2469	4700	6485	9530
AT5G38430.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.32E-01	1.08	580	9	5	135067	128762	158063	121022	108133	116517	113782	102971	86187	103196	158086	148479
AT1G17680.1	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	4.33E-01	1.17	21	1	1	11288	11622	22990	18213	9576	7740	13838	13381	12597	9646	23209	22835
AT5G43370.1	APT1, PHT2, PHT1;2 - phosphate transporter 2	4.33E-01	1.17	24	1	1	3121	4071	8077	6091	4333	5632	2414	3427	5227	6609	3580	5454
AT5G06260.1;AT4G34070.1	TLD-domain containing nucleolar protein	4.33E-01	1.23	70	1	1	1149	560	1808	1365	1310	871	963	1090	1026	1034	2277	2289
AT2G38740.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	4.34E-01	1.14	45	2	2	3771	3381	6735	5035	5936	6276	4754	3811	3428	5461	4721	5139
AT3G06250.1	FRS7 - FAR1-related sequence 7	4.34E-01	4.54	22	1	1	664	1036	176	372	3328	3182	1912	1481	16931	18973	141	368
AT5G63910.1	FCLY - farnesylcysteine lyase	4.34E-01	1.12	280	4	4	48244	49338	59965	48998	84414	75599	70649	65626	47878	51715	46605	45002
AT5G16300.2;AT5G16300.1;AT5G16300.3	VpsS1/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	4.34E-01	1.16	205	4	4	3470	4307	7581	4611	6603	8562	6904	6018	1600	2148	6691	6861
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	4.35E-01	1.07	4266	53	13	497466	438846	686175	565528	608120	544457	508456	526339	452014	441840	598528	587567
AT2G36190.1	AtcwINV4, cwINV4 - cell wall invertase 4	4.36E-01	1.62	28	1	1	4333	4236	1951	2958	11110	13825	3695	4442	2731	3593	5124	4106
AT1G35670.1;AT4G09570.1;AT5G23580.1	ATCDPK2, CPK11, ATCPK11, CDPK2 - calcium-dependent protein kinase 2	4.36E-01	1.04	358	5	5	57427	58574	61219	54101	50600	52776	50389	54268	51199	63482	51440	52101
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.36E-01	1.05	208	5	4	24768	26375	34737	34371	38305	34374	31586	32440	33900	36443	36236	32320
AT5G14050.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	4.37E-01	1.92	22	1	1	1076	974	0	468	3934	4091	682	1160	9574	8187	368	275
AT5G58430.1	ATEXO70B1, EXO70B1 - exocyst subunit exo70 family protein B1	4.38E-01	1.17	24	1	1	454455	506296	500321	431535	501021	464652	580336	610854	746173	719316	358772	338808
AT3G10560.1	UNE9, CYP77A7 - Cytochrome P450 superfamily protein	4.38E-01	1.41	22	1	1	1190	1402	2794	1602	4255	1966	1452	1678	4692	6860	1953	1944
AT3G56430.1;AT2G40800.1	unknown protein	4.39E-01	1.17	170	4	3	69958	73418	55958	51574	114081	106732	79262	79710	67344	67148	56449	54539
ATCG01090.1	NDHI - NADPH dehydrogenases	4.39E-01	1.17	86	2	2	7976	6964	7304	6268	13039	16306	12034	12929	9841	9473	2800	2581
AT5G08530.1	CIS1 - 51 kDa subunit of complex I	4.40E-01	1.06	357	5	5	44220	48577	56075	51173	51065	46426	43266	41268	50096	67112	36651	42445
ATMG00070.1	NAD9 - NADH dehydrogenase subunit 9	4.40E-01	1.10	155	2	2	27677	28735	31751	28368	44779	39940	30034	29834	33031	39534	25034	26165
AT5G20010.1;AT5G20020.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	4.40E-01	1.06	185	3	3	66226	58237	68076	75044	78870	83663	60722	61338	61896	67810	77123	76773
AT4G20280.1	TAF11 - TBP-associated factor 11	4.41E-01	1.11	91	1	1	7663	10599	6171	6337	10406	9313	8815	9216	9785	12208	2358	3302
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	4.41E-01	1.07	406	6	6	166197	156349	235615	221870	190150	197452	171240	173409	157876	188635	207180	192940
AT5G15610.2	Proteasome component (PCI) domain protein	4.41E-01	1.29	89	1	1	4574	4056	10729	9542	2703	3437	5078	2539	3648	1273	8339	6266
AT5G63220.1	unknown protein	4.41E-01	1.16	64	1	1	7992	6529	15219	10414	7208	7535	6766	9163	5012	5806	11624	8936
AT2G36360.1;AT2G36360.3	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	4.42E-01	1.13	57	1	1	5353	6480	7289	6870	6868	6729	6777	8275	5259	5314	9455	9621
AT3G32190.1	unknown protein	4.43E-01	1.36	43	1	1	1906	2987	4920	4724	626	1939	1336	3338	7720	6183	2591	2109
AT4G04330.1	Chaperonin-like RbcX protein	4.43E-01	1.05	170	3	3	20133	23758	27247	27035	29320	29393	29836	29899	24570	24270	27589	29090
AT4G02450.2;AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	4.43E-01	1.15	80	2	1	36150	38265	26831	25939	18929	18829	25302	25704	25413	23839	22588	20823
AT1G21400.1	Thiamin diphosphate-binding fold (THDP-binding) superfamily protein	4.43E-01	1.41	23	1	1	235	545	239	333	92	0	347	531	503	508	126	22
AT1G47200.1	WPP2 - WPP domain protein 2	4.44E-01	1.11	127	2	2	21336	23246	28128	25451	15513	16544	17399	19135	22283	23104	17378	18127
AT3G13470.1;AT1G55490.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.44E-01	1.09	1186	14	11	559587	566461	767931	611356	423767	411499	514069	491794	527277	660256	714860	733472
AT2G42570.1	TBL39 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 39	4.47E-01	1.12	21	1	1	7874	8256	7856	9628	5478	13320	11481	12351	8960	6127	8955	10887
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.47E-01	1.07	88	2	2	28177	32103	30181	20852	34803	26408	35459	34469	36037	39842	9287	6395
AT5G15200.1;AT5G15200.2;AT5G39850.1	Ribosomal protein S4	4.47E-01	1.18	126	3	3	157071	156590	90453	85379	79206	69094	104264	111879	121203	117408	42881	44853
AT5G10450.1	GRF6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	4.47E-01	1.09	491	6	2	39529	40926	55952	53963	59647	53867	47342	52152	65275	51942	29452	31997
AT2G38280.1	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	4.48E-01	1.07	331	7	7	200012	207483	221023	193465	245568	224812	210259	213399	245318	252631	148346	143363
AT1G50250.1	FTSH1 - FTSH protease 1	4.49E-01	1.13	255	4	1	2399	2607	1482	2099	2926	2260	2721	2568	3405	2888	1542	2414
AT3G27050.1	unknown protein; Has 43 Blast hits to 43 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	4.49E-01	1.21	114	2	2	8810	4597	6621	7652	14210	13052	9764	11148	16624	16261	6323	6504
AT3G11790.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	4.49E-01	1.11	67	1	1	22364	29753	24934	26321	40105	35674	31416	31096	32239	29098	17521	19947
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	4.50E-01	1.21	647	9	1	4635	3384	8205	4967	2988	3291	4884	5193	3342	3200	7900	8652
AT4G39230.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein	4.50E-01	1.22	22	1	1	1101	1070	2291	1970	317	1061	1577	1824	983	677	2622	1836
AT3G49470.1	NACA2 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	4.51E-01	1.12	195	2	2	419900	362897	274648	245749	651316	514050	602395	683280	717315	720271	19429	26260
AT5G53560.1	ATB5-A, B5 #2, ATCB5-E, CB5-E - cytochrome B5 isoform E	4.51E-01	1.66	83	1	1	5295	5281	10188	8473	933	2580	2056	3663	4633	3222	2130	3969
AT3G13290.1	VCR - varicose-related	4.52E-01	1.22	212	5	3	12536	12354	10753	8298	8331	7146	15509	14219	19001	9596	7844	6559
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	4.52E-01	1.12	153	3	3	47158	46033	57074	50686	47023	45944	45332	44575	44739	45651	75421	73589
AT5G14250.1;AT5G14250.2	COP13, CSN3, FUS11 - Proteasome component (PCI) domain protein	4.52E-01	1.09	265	5	5	46354	49028	41111	45270	58651	69054	54850	56851	47733	49180	37875	37390
AT3G15180.2;AT3G15180.1	ARM repeat superfamily protein	4.52E-01	1.11	68	1	1	5654	7167	10623	7892	5887	6352	6828	5954	3139	4113	9246	9898
AT2G42210.2	ATOEP16-3, OEP16-3 - Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17/Tim22/Tim23 family p	4.53E-01	1.21	22	1	1	1861	1840	1348	1672	12051	10010	5631	5718	10473	9259	1515	2169
AT5G46000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	4.53E-01	1.48	20	1	1	868	723	616	301	20829	20755	8653	8447	24437	22693	456	422
AT5G55740.1	CRR21 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.53E-01	1.08	28	1	1	1267	1120	1440	3187	1995	3753	2569	1800	2024	2971	2069	2345
AT2G35800.1	mitochondrial substrate carrier family protein	4.53E-01	5.19	25	1	1	93	429	26	215	3305	3235	575	229	77	108	256	162
AT3G17750.1	Protein kinase superfamily protein	4.54E-01	1.18	90	1	1	32160	26402	19688	20461	51215	37042	24217	43157	21318	27028	21677	20640
AT3G62700.1	ATMRP10, MRP10, ABCC14 - multidrug resistance-associated protein 10	4.54E-01	1.15	114	2	2	4449	2748	11677	8834	8149	4039	8057	6868	4526	5099	10714	10793
AT1G22380.1	AtUGT85A3, UGT85A3 - UDP-glucosyl transferase 85A3	4.54E-01	1.06	32	1	1	27635	32244	34853	24354	19711	17532	27512	27573	29847	29220	26815	25057
AT1G20840.1	TMT1 - tonoplast monosaccharide transporter1	4.56E-01	1.21	40	1	1	513	837	1626	959	405	438	642	931	674	521	1794	1214
AT2G37270.1	ATRPS5B, RPS5B - ribosomal protein 5B	4.56E-01	1.05	424	4	1	23810	22302	25512	24255	24223	26957	18896	21494	21801	33139	21903	22777
AT4G16660.1	heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	4.56E-01	1.07	39	1	1	4061	5859	5524	5556	4756	4802	3940	3482	3752	4229	6506	6519
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	4.56E-01	2.45	28	1	1	223	304	135	0	381	551	216	48	1476	1955	98	107
AT5G08060.1	unknown protein	4.57E-01	1.14	78	1	1	15669	10663	11184	6305	8826	10481	8710	7464	7088	7847	13842	10369
AT4G29350.1	PFN2, PRO2, PRF2 - profilin 2	4.57E-01	1.06	47	1	1	3506	3855	3262	3183	2787	3530	3277	3461	2289	3892	2849	3200
AT5G42970.1	COP8, FUS4, EMB134, COP14, CSN4, FUS8, ATS4 - Proteasome component (PCI) domain protein	4.57E-01	1.04	318	6	6	51070	56643	74604	60555	61637	65261	61783	61585	61835	67970	64629	65623
AT1G22300.1;AT1G22300.3	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	4.58E-01	1.13	358	6	5	98384	88705	138035	105599	134680	90060	132430	105279	166289	155290	93365	86459
AT1G60550.1	ECHID, DHNS - enoyl-CoA hydratase/isomerase D	4.58E-01	1.62	26	1	1	206	1461	1910	927	226	383	147	304	787	975	792	146
AT4G35985.1	Senescence/dehydration-associated protein-related	4.59E-01	1.15	100	2	1	12081	7168	7434	7799	10535	15336	9228	6490	6227	6772	12209	11642
AT1G48850.1;AT1G48850.3	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	4.59E-01	1.14	89	2	2	10735	10585	6838	8981	6178	5424	5886	7240	6928	8051	6292	8519
AT4G24840.1	unknown protein	4.60E-01	1.02	70	2	2	2387	2496	3127	3440	3694	4256	3813	4335	383	897	5315	4192
AT5G54200.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	4.60E-01	1.18	41	1	1	8115	9209	17649	11249	5187	1781	4076	8870	12518	17223	9422	10690
AT3G60750.1;AT2G45290.1;AT3G60750.2	Transketolase	4.60E-01	1.11	948	13	13	942255	914714	1074569	969299	584158	617629	811666	767825	767604	859316	1235235	1205833
AT5G43010.1	RPT4A - regulatory particle triple-A ATPase 4A	4.61E-01	1.13	185	5	1	17654	19873	34698	25679	13573	13719	18216	16022	24165	20499	36130	26926

AT5G17920.1;AT5G20980.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	4.61E-01	1.19	701	13	6	21999	22925	27860	25969	12103	11575	19203	17614	15437	20118	35584	37849
AT3G14415.1;AT3G14415.2;AT4G18360.1;AT4G	Aldolase-type TIM barrel family protein	4.61E-01	1.14	1658	18	4	208300	201797	345955	277591	155810	143144	197710	203499	189380	214843	357776	358344
AT3G56630.1;AT1G34540.1	CYP94D2 - cytochrome P450, family 94, subfamily D, polypeptide 2	4.61E-01	1.48	75	2	1	504	1192	2919	1807	3816	3226	2133	2148	1094	1949	849	895
AT5G46630.1;AT5G46630.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	4.61E-01	1.10	318	5	5	23719	25959	40452	35871	30508	36179	24321	27605	25249	21833	39263	37374
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	4.62E-01	1.09	98	2	2	24154	24491	28419	28079	17012	25026	21794	20601	14122	15746	29789	32911
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	4.62E-01	1.23	177	3	3	25133	29196	24327	17954	50532	52396	33111	29356	23954	29897	20891	24583
AT4G13430.1	IIL1, ATLEUC1 - isopropyl malate isomerase large subunit 1	4.63E-01	1.09	182	3	3	27133	28640	30188	33741	42416	42214	35890	38181	27147	26089	30179	30567
AT5G39980.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.63E-01	1.66	25	1	1	3336	3350	9277	7200	1731	4578	2527	2322	4757	5459	18910	15051
AT3G10380.1	SEC8, ATSEC8 - subunit of exocyst complex 8	4.64E-01	1.05	192	5	4	42262	47451	51930	41454	40282	38969	43652	46391	42884	42387	39037	36318
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	4.65E-01	1.22	219	3	3	53891	52541	48786	29950	55972	47997	44333	51762	89817	91474	37762	37456
AT4G32250.1	Protein kinase superfamily protein	4.65E-01	5.39	28	1	1	0	0	0	0	69	0	253	0	117	0	0	0
AT4G17770.1;AT1G23870.1	ATTPS5, TPS5 - trehalose phosphatase/synthase 5	4.66E-01	1.73	109	3	2	4886	5130	3638	4037	10042	12031	6980	4891	24772	24806	3724	3769
AT5G25590.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	4.67E-01	1.16	40	1	1	5128	3608	2500	2479	4111	5296	3903	4695	1836	2403	3571	3542
AT3G15730.1;AT1G52570.1;AT5G25370.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	4.67E-01	1.11	1102	20	20	339246	347805	477341	435677	279923	251050	278835	283884	432820	470365	448539	454842
AT3G24350.2	SYP32 - syntaxin of plants 32	4.67E-01	1.07	26	1	1	7538	6565	9414	6603	15059	13598	11463	11027	14493	14587	2154	1417
AT2G31370.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	4.67E-01	1.55	191	3	2	22192	16676	21318	10655	74384	55286	39963	30037	121963	88970	13768	16230
AT3G20800.1	Cell differentiation, Rcd1-like protein	4.68E-01	1.16	23	1	1	3189	3551	3607	1630	2889	5285	4534	4711	2019	1540	2466	2046
AT2G27860.1	AXS1 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1	4.69E-01	1.47	21	1	1	1378	1531	897	1031	1302	755	1688	2440	568	589	1978	2886
AT4G05475.1	RNI-like superfamily protein	4.70E-01	1.19	34	1	1	90037	102182	80504	76125	76495	90786	92662	108575	119691	167466	60229	66937
AT5G12470.1	Protein of unknown function (DUF3411)	4.70E-01	1.34	124	3	3	5374	6433	24086	18589	11421	13291	14822	13166	6356	10016	8222	6537
AT3G22950.1	ATARFC1, ARFC1 - ADP-ribosylation factor C1	4.71E-01	1.36	28	1	1	962	1562	2151	2301	562	1315	1577	780	980	1647	3513	3578
AT3G17850.1	Protein kinase superfamily protein	4.71E-01	1.10	244	5	3	43213	42782	41424	36775	65474	61395	51596	57510	56911	60187	19190	18953
AT4G27690.1	VPS26B - vacuolar protein sorting 26B	4.71E-01	1.02	70	3	1	2344	3355	2807	2652	3486	1732	4054	4242	3150	3510	678	374
AT3G28220.1	TRAF-like family protein	4.72E-01	1.18	66	2	2	18037	15906	21525	20674	15887	14227	16370	15245	14790	16329	31150	31868
AT5G17020.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	4.72E-01	1.11	1363	21	15	129663	125024	204019	177247	217352	200023	186180	182719	132127	115169	172179	162418
AT1G68990.2	MGP3 - male gametophyte defective 3	4.73E-01	1.14	22	1	1	115848	118744	88571	82566	55679	68027	69411	74453	54038	75604	86281	106014
AT1G16370.1	ATOCT6, OCT6 - organic cation/carnitine transporter 6	4.73E-01	1.58	28	1	1	417	225	603	350	1456	1633	494	292	411	338	932	494
AT2G07750.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	4.75E-01	1.16	28	1	1	417	346	215	293	93	92	253	435	212	273	14	63
AT2G34430.1;AT1G29910.1;AT1G29930.1	LHB1B1, LHCB1.4 - light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B1	4.77E-01	1.10	115	2	2	16271	13181	36205	20083	15955	12506	19102	15793	17092	18331	27993	26876
AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	4.77E-01	2.06	136	1	1	7229	6008	4855	4236	15552	12551	10310	12355	38310	36784	3206	2871
AT4G17340.1	TIP2;2, DELTA-TIP2 - tonoplast intrinsic protein 2;2	4.77E-01	1.92	85	1	1	1821	1583	3207	2869	13448	14387	3355	4441	1437	2329	3312	4513
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	4.78E-01	1.14	500	9	8	215501	201383	256346	203856	157134	143011	162409	155062	196149	213286	334813	283597
AT2G36250.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	4.78E-01	1.08	510	6	3	13054	12936	9268	6396	11299	9889	4768	6578	17309	16502	6107	6792
AT3G23900.1;AT3G23900.2	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	4.79E-01	1.09	27	1	1	8580	8633	6595	8411	1970	1769	5360	6847	5970	10930	4632	5622
AT4G32050.1	neurochondrin family protein	4.79E-01	2.03	25	1	1	1493	1277	5254	3258	318	95	664	603	7518	12978	1199	786
AT4G27440.1;AT5G54190.1;AT5G54190.2	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	4.82E-01	1.08	527	7	7	238072	235114	353028	288592	216735	218963	214993	203850	230172	266600	255759	264386
AT3G21200.1	PGR7 - proton gradient regulation 7	4.82E-01	1.09	256	4	4	55573	53857	83319	68705	65764	57300	55469	59912	86844	89540	62112	64152
AT5G25070.1	unknown protein	4.83E-01	1.09	308	7	5	35735	40550	44327	38232	11784	12426	26478	26374	37211	49569	29474	30906
AT5G38410.1;AT5G38410.2;AT5G38420.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.83E-01	1.07	655	8	4	791095	768857	830736	714185	592773	603617	631285	597583	509494	598473	864741	829545
AT4G29060.1;AT4G29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	4.85E-01	1.08	311	6	6	110618	99368	96703	76870	69648	74327	65548	70077	69115	78905	103460	100441
AT5G11580.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	4.85E-01	1.09	219	5	5	54180	52369	70752	65470	36320	40909	51637	50755	45563	55817	75758	68767
AT2G37540.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.86E-01	1.14	97	2	2	5937	5429	8028	9087	3754	3538	6475	4206	5094	6571	10641	7858
AT2G38550.1	Transmembrane proteins 14C	4.86E-01	1.02	23	1	1	1307	874	7026	7269	1760	407	2543	2434	4397	5773	1451	1734
AT5G47870.1	unknown protein	4.86E-01	1.06	185	3	3	88590	88973	120024	110325	92955	92428	87775	78433	72939	98001	111871	110608
AT5G20280.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	4.87E-01	2.63	109	2	2	2840	2822	2519	1889	21301	17777	11178	11340	60830	43314	1248	1192
AT5G18400.2;AT5G18400.1	Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1, Fe-S biogenesis	4.88E-01	1.20	23	1	1	1432	1367	1153	646	1645	694	1470	1747	1504	2085	751	770
AT1G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	4.88E-01	1.07	354	4	3	26186	28845	31697	26805	61394	54045	44074	39114	39968	51871	34905	34839
AT2G40550.1	ETG1 - E2F target gene 1	4.89E-01	1.23	29	1	1	1036	1395	1827	2123	1158	492	1556	1534	477	464	1226	1276
AT4G01800.1;AT4G01800.2	AGY1, AtcpSecA, SECA1 - Albino or Glassy Yellow 1	4.89E-01	1.06	764	12	10	100989	102782	167258	122539	109697	107699	113259	108933	113097	131699	147376	138407
AT4G38900.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	4.89E-01	1.18	23	1	1	8103	8932	12119	9049	4247	3339	12355	13901	10576	5553	5904	5935
AT1G67120.1	ATPases;nucleotide binding;ATP binding;nucleoside-triphosphatases;transcription factor binding	4.92E-01	1.01	89	2	1	222	139	0	0	7818	7544	3530	3427	3667	5185	0	82
AT2G24180.1	CYP71B6 - cytochrome p450 71b6	4.93E-01	1.50	52	2	2	897	1036	3147	1486	4928	6824	1474	3165	3394	2848	838	519
AT2G26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	4.93E-01	1.14	244	3	3	18316	19547	41872	23347	21866	17919	17133	18681	22775	34285	34889	35036
AT2G38650.1	GAUT7, LGT7 - galacturonosyltransferase 7	4.93E-01	1.09	27	1	1	74347	64472	46792	64204	45343	54987	48821	48238	43801	36820	70407	74505
AT5G66420.1;AT5G66420.2	unknown protein	4.93E-01	1.08	111	3	3	12277	13343	17653	14328	11882	11286	12599	11854	8815	9158	16943	15735
AT3G04430.1	anac049, NAC049 - NAC domain containing protein 49	4.94E-01	1.24	23	1	1	0	0	0	1	506	630	69	28	727	582	0	0
AT1G15690.1;AT1G15690.2	AVP1, ATAVP3, AVP-3, AtVHP1;1 - Inorganic H pyrophosphatase family protein	4.95E-01	1.19	463	7	7	99070	85803	202193	167250	221085	217674	178440	190266	70796	93816	145938	155737
AT4G24190.1;AT3G07770.1	SHD, HSP90.7, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	4.95E-01	1.15	1473	22	22	969812	862025	837509	720818	1701970	1363657	1014243	1124151	1093412	1137238	626673	613717
AT1G31230.1	AK-HSDH I, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase i	4.95E-01	1.08	528	10	7	119187	114945	193011	133182	135016	138841	114974	106790	109017	133561	149659	159792
AT5G05780.1;AT3G11270.1;AT3G11270.2;AT5G(	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	4.96E-01	1.12	302	5	5	27117	22624	19786	22907	43557	36653	18947	18905	16929	18852	40457	39778
AT2G20900.1	DGK5, ATDGK5 - diacylglycerol kinase 5	4.98E-01	1.06	77	1	1	888	1389	1103	1447	966	1249	866	1166	514	549	1576	1945
AT5G13440.1;AT5G13430.1	Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit	4.98E-01	4.81	54	1	1	826	2011	307	601	1945	1686	998	1239	16960	15628	190	497
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	4.98E-01	1.83	246	3	2	25953	28345	13811	11455	153073	130492	104299	129093	231862	181256	10443	9139
AT1G03760.1	Prefoldin chaperone subunit family protein	4.98E-01	1.21	121	3	3	77503	60448	49879	32975	111351	83899	55661	58018	72371	70725	42093	44940
AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	5.00E-01	1.04	252	5	5	142950	137478	122552	114653	126917	116853	113186	125745	136590	137738	107139	112523
AT5G16380.1	Protein of unknown function, DUF538	5.01E-01	1.03	26	1	1	1918	2046	9771	9826	772	730	2929	2584	10103	5717	2918	1620
AT3G06483.1	PDK, ATPDHK - pyruvate dehydrogenase kinase	5.01E-01	1.11	117	2	2	12662	11357	10787	12157	7094	7017	10565	11747	5656	6725	12411	7838
AT3G52230.1	unknown protein	5.01E-01	5.85	42	1	1	565	1146	937	562	1444	1128	1384	1057	15193	15735	159	293
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	5.03E-01	1.09	893	15	15	121799	118804	123957	107109	156663	148848	137169	123164	179626	183036	113270	111753
AT2G18410.1;AT2G18410.2	unknown protein	5.03E-01	1.05	302	4	4	120728	109733	107297	101785	130203	117772	105837	108357	123666	143292	83960	89895
AT1G08420.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	5.03E-01	1.17	251	4	2	10641	12425	11774	14545	17920	15847	13443	13546	10961	11215	25601	22622
AT4G34150.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	5.04E-01	1.09	54	1	1	2777	2615	2509	3281	1817	1783	1587	2124	1439	1466	3658	3291
AT4G36750.1	Quinone reductase family protein	5.04E-01	1.47	168	2	2	14956	12597	19292	16108	70986	58340	30656	34221	26154	22531	9337	8010
AT2G32700.7	LUH - LEUNIG_homolog	5.04E-01	1.02	90	2	2	784	913	569	773	35729	27887	16962	12852	21948	15351	578	608
AT4G23630.1;AT4G11220.1	BTI1, RTNLB1 - VIRB2-interacting protein 1	5.04E-01	1.50	344	5	4	125244	112060	101809	102744	1890310	1530051	773370	986319	2150321	1730878	74039	70380
AT2G27460.1	sec23/sec24 transport family protein	5.04E-01	1.16	89	2	2	9237	14862	11303	12901	16104	24745	12365	17242	13123	13256	9165	12008
AT5G37400.1	Family of unknown function (DUF577)	5.04E-01	1.56	25	1	1	2326	1451	1143	1580	7049	6536	2701	3655	2340	1683	1258	1243
AT4G33650.1	ADL2, DRP3A - dynamin-related protein 3A	5.05E-01	1.05	284	5	4	24652	24670	33145	27615	28114	30136	25013	24330	23904	27098	30426	30135
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	5.06E-01	1.08	900	13	9	194085	198472	145514	132862	151104	145023	147851	169887	173798	209451	97989	100361
AT1G04810.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	5.06E-01	1.08	559	9	2	5202	5981	12633	8435	8269	5663	7858	6475	7205	7457	10308	10637
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	5.06E-01	1.06	755	9	4	23720	22906	15342	18375	30202	26946	19226	26228	33758	34504	8633	7177
AT2G42130.4;AT2G42130.1;AT2G42130.3	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	5.08E-01	1.06	127	3	3	169671	182351	284978	218670	118908	122187	162757	178602	180638	190043	224798	230507
AT2G38230.1;AT2G38210.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	5.08E-01	1.30	403	5	2	34338	25311	24516	17668	13214	10561	17258	13125	18074	18594	52478	43944
AT1G73650.3;AT1G73650.1;AT1G73650.2	Protein of unknown function (DUF1295)	5.09E-01	5.31	72	2	1	67	24	140	95	48	0	647	515	451	373	7	0
AT2G31610.1;AT3G53870.1;AT5G35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	5.09E-01	1.08	216	4	4	26643	28989	33104	31151	21017	20768	27282	26990	18328	16776	31682	28089
AT5G47860.1	Protein of unknown function (DUF1350)	5.10E-01	1.12	93	1	1	2181	2274	4459	1785	2547	2518	2070	2080	802	2234	3441	3409
AT1G67140.1;AT1G67140.3	SWEETIE - HEAT repeat-containing protein	5.10E-01	1.17	225	5	5	35545	40603	22889	32754	127810	104421	73587	65813	111754	109701	32797	32515
AT5G55990.1	CBL2, ATCBL2 - calcineurin B-like protein 2	5.10E-01	1.20	66	2	1	1673	535	1750	1544	1454	1839	1682	1227	551	1555	1110	1184
AT3G29760.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	5.11E-01	1.48	23	1	1	1446	708	1603	860	1607	1111	740	919	646	2281	3171	3079
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	5.11E-01	1.11	115	1	1	8210	6968	7006	5690	12213	9527	6149	5231	7505	8201	8974	8447
AT1G78090.1	ATTPP8, TPP8 - trehalose-6-phosphate phosphatase	5.12E-01	1.11	23	1	1	6829	6491	3733	5197	6447	9396	7147	5660	2920	2659	8934	6953
AT4G39260.1	CCR1, ATGRP8, GR-RBP8, GRP8 - cold, circadian rhythm, and RNA binding 1	5.13E-01	1.01	21	1	1	466	543	274	0	1310	153	286	139	849	1155	234	112
AT1G11510.1	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	5.13E-01	1.02	32	1	1	1230	896	3101	2518	2046	2437	1062	1052	5044	4157	599	504
AT4G30930.1	NFD1 - Ribosomal protein L21	5.13E-01	1.30	143	2	2	46964	38872	25943	29599	77343	64854	72064	68601	88979	90342	25258	24275
AT2G01690.1;AT2G01690.2	ARM repeat superfamily protein	5.13E-01	1.14	268	6	5	18170	17323	38477	31137	33889	33079	24763	24681	15865	18346	38793	28171

AT3G19900.1	unknown protein	5.13E-01	1.12	82	1	1	14694	18819	17090	15789	20286	13605	14061	13962	15151	22146	27625	19128
AT1G54030.1	MVP1 - GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.13E-01	1.07	116	3	3	14189	16774	19989	17377	11222	11825	13800	13578	16586	14611	19106	20299
AT2G42690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.13E-01	1.20	87	2	2	15320	16162	22114	17826	59944	60099	44404	47056	49798	55364	13340	19511
AT3G06670.1;AT3G06670.2	binding	5.13E-01	1.21	252	5	4	6414	8171	10068	6689	13252	11281	10600	10622	13346	20172	6069	6877
AT3G09580.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	5.14E-01	1.10	107	3	2	8575	7627	10528	6847	10863	13152	8702	9163	6946	10174	8757	8658
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	5.14E-01	1.05	162	3	3	63875	65280	62181	54658	50842	46067	57503	60188	53252	52186	51797	51549
AT5G36740.1	Acyl-CoA N-acyltransferase with RING/FYVE/PHD-type zinc finger protein	5.14E-01	1.07	25	1	1	2241	2253	1829	2097	1035	435	2865	2352	1781	1865	159	228
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	5.14E-01	1.08	146	2	2	29286	29681	60176	46042	37228	36157	32747	34901	42134	43924	50453	53019
AT4G03560.1	ATTPC1, TPC1, ATCCH1, FOU2 - two-pore channel 1	5.15E-01	1.18	178	4	3	12393	13460	31130	31816	24439	18941	24358	24932	9045	12184	20273	21499
AT3G55250.1	unknown protein	5.15E-01	1.15	272	5	5	31017	38980	28803	28519	64020	65790	41133	41111	53409	52123	17446	17422
AT1G49300.1	ATRAB7, ATRABG3E, RABG3E - RAB GTPase homolog G3E	5.15E-01	1.02	119	2	1	1440	1608	2742	951	15841	15770	6643	9094	12464	8721	0	495
AT3G20810.1	JMJD5 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.16E-01	1.14	133	2	1	1288	1210	733	1212	2247	2614	2244	2617	2085	1174	1358	1106
AT1G05350.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.18E-01	1.23	46	1	1	7292	8395	5269	5598	23496	16601	13297	13311	11453	11230	2308	2383
AT1G73710.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	5.18E-01	1.80	24	1	1	510	532	787	664	2803	129	133	438	674	621	703	441
AT5G22330.1	ATTIP49A, RIN1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.18E-01	1.11	103	1	1	10266	9796	13936	11333	9549	10214	9300	9864	10325	9806	16513	16746
AT4G01400.1	unknown protein	5.18E-01	1.93	33	1	1	51	125	81	318	31	0	164	37	2	33	0	79
AT1G77730.1	Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	5.20E-01	1.17	21	1	1	5556	4924	2908	4824	4052	2404	5704	5669	6009	6088	2488	2974
AT3G45640.1	ATMPK3, MPK3, ATMAPK3 - mitogen-activated protein kinase 3	5.21E-01	1.15	61	1	1	12432	14013	16633	17597	9174	7123	11255	10037	9777	11058	12836	11693
AT5G24010.1;AT1G30570.1;AT5G28680.1	Protein kinase superfamily protein	5.21E-01	1.34	36	1	1	1633	2125	1805	1957	10396	8960	5846	5565	4600	3118	384	567
AT1G65960.2;AT1G65960.1;AT3G17760.1	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	5.21E-01	1.07	517	8	7	183610	164610	215044	193424	260843	222531	175384	174677	143584	152385	263705	252026
AT4G32260.1	ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	5.22E-01	1.44	74	2	1	10684	10312	9111	7929	2318	2540	5202	4695	4176	5684	5077	4954
AT1G51650.1	ATP synthase epsilon chain, mitochondrial	5.22E-01	1.19	81	1	1	7932	7062	9375	7745	4300	2640	3594	2665	3638	8049	6948	7866
AT4G02570.1	ATCUL1, CUL1, AXR6 - cullin 1	5.22E-01	1.10	103	2	2	8535	8138	10161	10348	15278	13273	11482	14605	8321	7356	10347	7751
AT5G17910.1	unknown protein	5.23E-01	1.05	235	4	4	91163	86304	101268	78960	105136	95985	108046	98328	94063	116601	86091	83101
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	5.23E-01	1.10	344	5	4	32752	32648	23824	19522	38230	45426	39215	40042	34806	36928	13570	10559
AT5G26760.2	unknown protein	5.23E-01	1.17	81	1	1	8284	7325	9150	7663	5800	6781	9312	10695	10311	11760	5388	4964
AT3G62080.1;AT3G62080.2	SNF7 family protein	5.23E-01	1.15	51	1	1	3164	3314	2755	2086	4580	4799	3981	5789	2049	3222	4628	4054
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	5.23E-01	1.18	46	1	1	3016	2692	3849	2321	5576	7346	3809	4428	4093	5585	1593	1526
AT4G21660.1	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	5.24E-01	1.29	66	3	3	9794	7715	6921	7332	13097	11315	8752	9133	22543	18605	5856	7528
AT4G00230.1	XSP1 - xylem serine peptidase 1	5.24E-01	1.07	26	1	1	623	518	619	738	1443	1210	1278	1380	1421	1243	57	129
AT5G46210.1	CUL4, ATCUL4 - cullin4	5.25E-01	1.16	137	2	2	2795	1953	5159	4114	1504	2938	2720	3106	548	142	8344	6626
AT1G66970.1;AT1G66970.2	SVL2 - SHV3-like 2	5.25E-01	1.07	167	3	3	14691	15972	19077	16376	12941	14422	14574	15822	12296	18120	20816	18588
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	5.26E-01	1.08	97	2	2	45900	53896	72609	63356	42458	39824	54096	47248	59571	80593	50968	50302
AT4G02030.1	VpsS1/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	5.26E-01	1.11	222	3	3	47997	48884	79421	56653	38452	41330	54063	52098	39291	30854	53216	52827
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	5.27E-01	1.03	634	10	10	214948	220515	215493	210417	215467	232250	172632	196894	239383	252910	205790	201898
AT2G30170.2;AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein	5.28E-01	1.17	268	3	3	31191	29081	44217	32738	21455	18958	23059	22492	27567	29707	50932	54598
AT1G14610.1	TWN2, VALRS - valyl-tRNA synthetase / valine--tRNA ligase (VALRS)	5.29E-01	1.06	24	1	1	6774	7260	4950	6981	7355	7616	8196	6616	4337	6539	6258	6527
AT1G79830.1	GC5 - golgin candidate 5	5.30E-01	1.10	225	5	1	2501	1716	1933	1147	1442	831	1163	510	2379	2664	1402	622
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	5.30E-01	1.03	88	3	3	21517	18721	11766	12874	24511	22033	21189	20586	26879	30294	4802	4427
AT1G64583.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.30E-01	1.01	21	1	1	57774	48385	106342	75238	14769	13448	40188	44412	48182	41395	72852	72152
AT5G15400.1	U-box domain-containing protein	5.31E-01	1.07	430	9	9	15997	15604	25980	18374	38095	41289	29275	29338	32128	32578	19965	22332
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	5.31E-01	1.34	99	3	2	5466	4435	3582	2369	10590	11255	6615	6647	3106	4987	3805	3073
AT4G01050.1	TROL - thylakoid rhodanese-like	5.31E-01	1.18	26	1	1	1559	1767	106	448	315	36	739	398	312	240	984	910
AT1G70750.1	Protein of unknown function, DUF593	5.31E-01	1.46	37	1	1	641	842	665	829	5072	4921	1629	2252	2532	2158	136	192
AT1G19250.1	FMO1 - flavin-dependent monooxygenase 1	5.31E-01	2.03	27	1	1	94	100	46	109	0	3	18	89	0	0	32	34
AT3G08510.1	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	5.31E-01	1.19	300	4	1	686	817	565	686	31803	24665	11100	12387	24607	21715	437	398
AT1G51805.1;AT1G51805.2	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	5.32E-01	1.14	143	4	4	10822	11652	20006	13746	6970	8400	11707	11059	9728	9020	19299	20939
AT1G22240.1	APUM8, PUM8 - pumilio 8	5.33E-01	2.29	42	2	1	294	295	312	18	747	1173	95	328	234	217	282	81
AT3G52310.1	ABC-2 type transporter family protein	5.35E-01	1.21	29	1	1	19925	21279	13341	10692	8068	6715	13680	14442	6646	6057	12874	12274
AT3G01120.1	MTO1, CGS, ATCYS1, CGS1 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	5.38E-01	1.10	57	1	1	7859	8649	10307	9419	8766	6817	8251	7812	7241	8246	13706	11839
AT3G28720.1	unknown protein	5.39E-01	1.24	47	1	1	658	432	1308	1312	297	705	143	406	623	898	806	917
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	5.39E-01	1.07	200	4	4	24071	26002	30439	23084	18035	21454	17799	16127	20196	24539	28076	27130
AT1G19740.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	5.39E-01	1.13	45	1	1	7527	10132	6707	5068	12357	11093	9613	10985	5961	10412	5531	4404
AT5G51720.1	2 iron, 2 sulfur cluster binding	5.40E-01	3.00	52	1	1	1731	1586	1329	1225	6041	5615	5581	6141	22185	17799	433	477
AT1G79340.1;AT1G79330.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	5.41E-01	1.03	357	6	6	132756	146055	165544	142576	134696	128121	137379	140839	144158	171307	142326	140400
AT1G76110.1	HMG (high mobility group) box protein with ARID/BRIGHT DNA-binding domain	5.41E-01	1.11	28	1	1	2937	1984	1966	1398	7184	5750	5046	5880	6021	6226	224	132
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	5.42E-01	1.08	84	2	2	5699	6904	7698	7546	10825	8006	8222	7187	6680	7454	6872	6941
AT5G13560.1	unknown protein	5.42E-01	1.08	139	3	3	14459	16457	10162	11059	9901	10920	12271	14249	8286	7850	13053	11821
AT3G02550.1	LBD41 - LOB domain-containing protein 41	5.43E-01	1.07	26	1	1	12696	14630	11676	11346	18240	18993	16553	16106	16530	19271	6378	6804
AT2G31810.1;AT2G31810.2;AT2G31810.3	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	5.43E-01	1.07	264	6	6	34611	38898	32500	33386	51986	53730	44485	47553	53787	45683	34293	35515
AT2G19790.1	SNARE-like superfamily protein	5.43E-01	1.06	31	1	1	688	1334	387	419	17517	14971	9266	8786	7207	7082	668	440
AT5G02940.1;AT5G43745.1	Protein of unknown function (DUF1012)	5.45E-01	1.07	85	2	2	39027	38040	50613	43880	30245	36985	39573	39116	21435	24616	51351	47884
AT5G50330.1	Protein kinase superfamily protein	5.46E-01	1.18	26	1	1	5452	8650	5106	4181	351	282	3048	3020	2380	2026	4636	5241
AT5G03880.1	Thioredoxin family protein	5.46E-01	1.15	64	1	1	5216	5636	8681	7591	4573	3423	6106	5714	3382	6927	7426	10928
AT2G47470.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	5.48E-01	1.17	221	4	4	32156	330056	32120	31030	32632	29424	37004	37192	53836	49429	25836	19449
AT4G32180.1;AT1G60440.1;AT4G32180.2	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	5.48E-01	1.06	439	8	8	35139	37225	53669	38534	46659	40919	29210	34647	32138	45063	50608	45895
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	5.49E-01	1.01	112	2	1	3364	4090	3400	3293	1064	2205	4043	4056	451	387	5123	3477
AT1G79090.1	unknown protein	5.50E-01	1.09	83	1	1	23136	23946	18461	18909	32463	31681	23081	26529	23438	33663	13568	16290
AT4G17330.1	ATG2484-1, G2484-1 - G2484-1 protein	5.50E-01	1.20	416	6	6	93072	83571	90040	71062	92139	75508	80433	83065	166333	151460	63260	63391
AT3G62110.1	Pectin lyase-like superfamily protein	5.50E-01	1.06	26	1	1	84630	79939	162397	120683	54566	51232	114251	102559	69880	77396	117076	105803
AT4G24620.1;AT4G24620.2	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	5.51E-01	1.07	219	5	5	10214	10577	9994	10699	10261	11645	10913	12151	7878	9925	13599	13595
AT1G07140.1	SIRANBP - Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	5.51E-01	4.27	69	1	1	542	396	133	29	2483	2799	1916	3123	18909	3148	15	121
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	5.51E-01	1.04	153	3	2	25123	23274	19488	22045	8136	7522	17114	16235	17301	16011	22119	21277
AT1G10940.1;AT2G23030.1	ASK1, SNRK2-4, SNRK2.4, SRK2A - Protein kinase superfamily protein	5.51E-01	1.06	146	3	2	71079	72610	81311	77429	86734	85082	75609	77487	99642	106319	71493	72171
AT3G16480.1	MPPalpha - mitochondrial processing peptidase alpha subunit	5.52E-01	1.05	339	4	2	8527	8709	7641	6534	8831	8044	9701	9971	4590	5229	8913	7516
AT5G58100.1	unknown protein	5.52E-01	1.53	25	1	1	116	142	30	59	1284	1271	690	583	78	527	20	2
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	5.52E-01	1.05	207	4	4	87641	83401	71610	62931	73455	55319	63180	62589	96623	114562	35671	41040
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	5.53E-01	1.04	297	3	3	199220	178376	245946	172564	197044	201943	189241	186434	226239	250654	193483	200539
AT5G42190.1	ASK2, SKP1B - E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein	5.54E-01	1.16	52	1	1	4519	4088	3164	3625	8832	5933	4490	5042	2936	2565	5752	5326
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	5.54E-01	1.03	71	2	2	12966	13453	7994	9136	32119	36496	29410	27710	23646	24616	1741	1820
AT1G04820.1	TUA4, TOR2 - tubulin alpha-4 chain	5.54E-01	5.10	2292	28	2	1354	1370	1223	1426	6210	7113	2030	2439	44665	45013	737	489
AT3G53700.1	MEE40 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	5.54E-01	1.31	113	2	2	3527	3010	2993	2421	9459	11298	5526	5038	1298	1616	5550	6023
AT4G10060.1	Beta-glucosidase, GBA2 type family protein	5.55E-01	1.11	132	2	2	6971	5361	12870	13628	10797	12694	7638	10063	9528	18520	12765	10788
AT3G12010.1	unknown protein	5.56E-01	1.12	65	1	1	4028	4390	6445	5075	4772	4255	5188	6130	3284	4016	6093	7846
AT5G54810.1;AT4G27070.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	5.56E-01	1.07	229	5	5	62733	60629	73289	66471	48480	46814	55506	55402	53355	58575	81870	78993
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	5.56E-01	1.11	105	2	2	4355	3644	2273	2778	2816	3888	2852	3206	5319	4652	2539	3357
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	5.57E-01	1.06	239	5	5	64772	59968	90906	72717	37908	36939	56209	58446	56072	59124	79510	74406
AT1G02090.1	FUS5, CSN7, COP15, ATCSN7 - Proteasome component (PCI) domain protein	5.57E-01	1.31	98	1	1	15	14	9	12	11565	8602	2266	2830	12005	9292	19	0
AT4G26380.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	5.58E-01	1.11	23	1	1	29746	19267	31620	18564	42468	23094	29502	19596	39086	30789	17336	12337
AT1G63500.1	Protein kinase protein with tetratricopeptide repeat domain	5.58E-01	1.43	42	1	1	681	1417	725	1395	3372	2878	3835	5079	2432	2215	882	523
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	5.58E-01	1.07	200	3	3	20686	22734	41217	26143	21380	19528	19764	21446	28683	31536	31100	29460
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	5.59E-01	1.04	338	5	1	11529	12574	14116	11657	8154	8942	12002	11697	11527	13567	11181	9982
AT2G32450.1;AT1G05150.1	Calcium-binding tetratricopeptide family protein	5.59E-01	1.14	133	2	2	6316	6966	4693	3335	8466	7289	6081	6226	5443	3576	5945	5372
AT4G23690.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	5.59E-01	1.08	70	1	1	4358	3767	7296	4718	3609	3979	4207	3840	4486	4392	6892	6188
AT3G57040.1	ARR9, ATRR4 - response regulator 9	5.60E-01	1.21	27	1	1	8601	8124	20131	9535	5688	4940	4171	4461	5546	9866	11074	12097

AT2G38770.1	EMB2765 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.60E-01	2.40	89	3	2	3933	5503	3248	2529	36154	35700	8826	8722	5166	4997	4495	4029
AT3G03570.1	Protein of unknown function (DUF3550/UPF0682)	5.60E-01	1.06	45	1	1	2957	3415	4112	3621	3390	4323	4160	3447	1781	2825	4056	4372
AT5G50770.1	AtHSD6, HSD6 - hydroxysteroid dehydrogenase 6	5.60E-01	1.04	21	1	1	2648	2383	1880	1248	4261	2307	4462	3020	4389	1831	1435	111
AT4G23400.1;AT1G01620.1	PIP1D, PIP1;5 - plasma membrane intrinsic protein 1;5	5.61E-01	1.25	161	3	3	30470	30447	27951	28981	141689	125597	98585	95632	48955	47232	9245	9347
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	5.62E-01	1.96	770	11	9	244544	243187	144445	200682	2678325	2203562	1929627	2362522	4039625	2703330	78682	72079
AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.63E-01	6.93	39	1	1	55	208	118	86	267	0	344	468	164	4034	0	78
AT1G43890.1	ATRAB18, ATRABC1, RAB18-1, RABC1, ATRAB-C1, RAB18 - RAB GTPASE HOMOLOG B18	5.63E-01	1.28	57	1	1	1647	2110	4338	3751	5699	6891	3899	3358	2382	2723	2877	3815
AT2G35630.1	MOR1, GEM1 - ARM repeat superfamily protein	5.63E-01	1.04	23	1	1	1887	2810	6102	4951	6945	5996	5063	4401	5038	6089	4446	4779
AT5G01330.1	PDC3 - pyruvate decarboxylase-3	5.64E-01	1.10	24	1	1	712	842	1128	1347	824	503	484	448	740	610	1202	1374
AT1G09130.1;AT1G09130.3	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	5.65E-01	1.07	640	8	7	339903	321404	426783	324595	478157	480950	333954	337754	268209	323066	471414	486684
AT2G21660.1	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	5.65E-01	1.08	74	1	1	11291	13453	11438	11123	9314	9794	14159	13169	12891	13624	8482	9215
AT3G56310.2	Melibiase family protein	5.66E-01	1.41	22	1	1	5136	5450	3714	4165	14027	17813	7989	7145	5431	5576	4893	4659
AT1G76030.1;AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	5.66E-01	1.14	1782	24	6	62773	69330	52905	57040	56514	51123	47045	48079	98343	93086	53322	57092
AT2G43850.1	Integrin-linked protein kinase family	5.68E-01	1.13	21	1	1	35260	31280	35068	33414	62098	76669	66746	60495	28739	36035	26360	24267
AT1G78955.1	CAMS1 - camellicol C synthase 1	5.69E-01	1.28	25	1	1	3717	3979	3180	3173	11125	9443	12075	11524	9890	10172	324	178
AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	5.70E-01	1.15	1360	19	19	555638	544348	506003	444079	693515	646182	560587	588323	963074	916800	407492	451205
AT5G67030.1;AT5G67030.2	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1)	5.70E-01	1.07	229	6	5	8566	7987	5655	9722	14280	12920	7795	9623	13299	13206	10584	8861
AT5G52640.1	HSP81-1, ATHS83, HSP81.1, HSP83, ATHSP90.1, AtHsp90-1, HSP90.1 - heat shock protein 90.1	5.72E-01	1.07	111	3	1	872	589	3927	1384	539	355	1233	406	1511	746	2580	1723
AT5G14120.1	Major facilitator superfamily protein	5.72E-01	1.06	75	2	2	20527	22073	68790	53528	19017	38829	52158	48714	25852	26579	37929	45616
AT4G10750.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	5.72E-01	1.29	64	1	1	5767	5563	2554	3045	7351	5115	7499	7895	8767	8937	2281	2610
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone GrpE family protein	5.73E-01	1.53	151	3	2	8250	7749	2251	2284	46598	38169	37253	38428	43388	37492	2216	1980
AT2G25850.3	PAPS2 - poly(A) polymerase 2	5.73E-01	1.74	23	1	1	910	737	184	199	2039	132	759	812	311	154	225	149
AT1G16880.1;AT1G16880.2	uridylyltransferase-related	5.73E-01	1.09	237	4	4	74815	73242	55320	66964	57386	59357	59898	62986	59796	52471	86234	101792
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	5.74E-01	1.11	28	1	1	686	574	2004	2062	481	127	751	878	243	1319	1827	1563
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	5.74E-01	1.05	282	6	6	79745	82408	87345	81407	40349	46144	72727	76378	61164	64941	84806	77655
AT3G54540.1	ATGCN4, GCN4 - general control non-repressible 4	5.75E-01	1.51	27	1	1	652	733	93	180	395	185	419	220	232	159	287	167
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	5.75E-01	1.20	49	1	1	5238	5426	3336	1745	1771	2197	2538	3242	1012	1667	4492	3533
AT1G72560.1	PSD - ARM repeat superfamily protein	5.75E-01	1.06	27	1	1	689	542	498	802	557	534	1163	1007	107	181	741	643
AT5G27560.1	Domain of unknown function (DUF1995)	5.75E-01	7.19	26	1	1	58	0	0	14	250	396	60	230	2707	2158	0	0
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	5.75E-01	2.20	60	1	1	566	443	403	604	5834	5532	1946	1600	12609	12685	283	284
AT3G07660.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	5.76E-01	1.14	182	4	4	16022	11796	12847	9767	27145	19616	15030	18007	20786	14820	7181	9745
AT1G41830.1;AT4G22010.1	SKS6 - SKU5-similar 6	5.76E-01	1.07	40	1	1	7182	8531	11824	11446	7486	11096	7301	8867	5611	7207	13092	11580
AT2G43180.1;AT2G43180.2	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	5.77E-01	1.11	299	6	5	108854	96813	180518	137858	77843	76249	84765	86094	112777	116435	185489	170508
AT4G04890.1;AT4G21750.1	PDF2 - protodermal factor 2	5.77E-01	1.14	29	1	1	2015	2387	1172	2513	8070	6096	4933	4180	4526	5045	413	492
AT1G78010.1	tRNA modification GTPase, putative	5.78E-01	1.08	61	1	1	8492	10795	15211	11925	9545	7935	8690	8046	8739	13532	9554	10402
AT1G69830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	5.79E-01	1.03	382	9	9	97947	96227	107320	106412	97441	100531	82451	85104	94118	92375	117205	117505
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	5.79E-01	1.05	740	9	9	581162	584842	855762	646157	578432	595543	536233	553775	439737	529807	829590	756263
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	5.79E-01	1.09	901	12	8	404776	404970	394222	325277	239679	245708	253606	276881	293149	310876	357969	362417
AT1G11910.1;AT1G62290.1	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	5.80E-01	1.03	1905	22	22	7522501	7200408	8366789	7305199	7266485	7044747	7030892	7138101	8629709	8934171	7353534	7086141
AT3G61470.1	LHCA2 - photosystem I light harvesting complex gene 2	5.80E-01	1.03	54	1	1	3011	2491	3581	2649	1531	2973	2850	2917	724	1108	4465	3650
AT5G35690.1	unknown protein	5.80E-01	1.63	22	1	1	148	348	0	120	0	69	94	213	19	0	296	499
AT5G13720.1	Uncharacterised protein family (UPF0114)	5.80E-01	1.55	30	1	1	0	53	0	0	3331	2219	810	1272	733	807	0	0
AT1G26815.1	FBD domain family	5.81E-01	4.01	22	1	1	174	155	34	0	3011	3772	465	765	337	215	0	0
AT4G00260.1	MEE45 - Transcriptional factor B3 family protein	5.82E-01	1.07	22	1	1	6923	7781	8327	9428	8721	13029	8976	9438	8119	13144	4893	6150
AT5G45610.1	SUV2 - protein dimerizations	5.82E-01	1.00	47	2	1	225	106	111	44	258	1095	403	212	601	419	120	83
AT4G02940.1	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	5.83E-01	1.65	41	1	1	372	561	105	406	0	0	188	0	0	0	410	277
AT3G18970.1	MEF20 - mitochondrial editing factor 20	5.83E-01	2.00	21	1	1	203	215	134	162	1221	1409	1292	2139	2255	812	33	154
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	5.83E-01	1.08	856	13	12	377029	389254	405639	376761	276846	256708	292752	272478	421553	512297	372145	379374
AT2G35390.1;AT1G32380.1;AT2G35390.2	Phosphoribosyltransferase family protein	5.83E-01	1.04	95	2	2	5294	6812	7341	5841	1410	2641	3707	4432	4444	5941	4998	6900
AT5G66470.1	RNA binding;GTP binding	5.84E-01	1.04	73	2	2	4625	4716	6300	5147	2704	2161	4911	4942	3712	4171	4672	4257
AT5G06530.1	ABC-2 type transporter family protein	5.84E-01	1.04	25	1	1	24681	23081	24752	21878	26497	30169	29619	28864	28336	33674	13323	11831
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	5.85E-01	6.50	47	1	1	773	691	752	797	2382	1240	300	686	20752	20494	511	364
AT2G30530.1	unknown protein	5.85E-01	1.08	24	1	1	3894	3335	5963	6265	1760	2265	4447	2768	3043	3546	6115	5470
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-l-glutamate kinase	5.88E-01	1.12	48	1	1	12016	11480	13859	16136	9862	12223	12116	11062	9480	11950	20308	19699
AT1G55530.1	RING/U-box superfamily protein	5.88E-01	20.57	25	1	1	0	68	75	172	0	0	0	114	3535	2842	0	0
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.89E-01	1.63	292	4	4	168389	183873	131059	138682	304824	287073	222831	223409	682338	673625	88235	92132
AT1G09270.1;AT1G09270.3	IMPA-4 - importin alpha isoform 4	5.90E-01	1.04	318	4	4	50997	54007	53813	53831	52337	42955	47583	54633	43021	32460	59086	59533
AT1G10500.1	ATCPISCA, CPISCA - chloroplast-localized ISCA-like protein	5.91E-01	1.07	80	1	1	8109	7237	12782	10484	6223	10157	12779	13863	8009	5356	7147	4467
AT4G26510.1;AT1G55810.1	UKL4 - uridine kinase-like 4	5.92E-01	1.30	238	4	3	7300	5934	11148	11075	9694	9696	10545	14303	5048	4886	20477	16113
AT3G51090.1	Protein of unknown function (DUF1640)	5.92E-01	1.08	27	1	1	4487	3202	9538	9154	672	994	3172	2326	3779	3412	6599	6716
AT3G18390.1	EMB1865 - CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	5.92E-01	1.07	399	5	5	37292	36158	22504	24120	29792	26810	38569	40900	48033	48574	6001	6557
AT5G66400.1	RAB18, ATDI8 - Dehydrin family protein	5.93E-01	2.23	30	1	1	1554	938	250	470	17628	13156	3896	4551	44874	21720	238	387
AT3G53290.1	CYP71B30P - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 30 pseudogene	5.93E-01	2.42	21	1	1	232	53	918	25	132	4	40	52	147	0	266	59
AT2G45010.1	PLAC8 family protein	5.93E-01	5.63	25	1	1	166	243	454	262	28566	17920	3241	3223	926	903	117	47
AT3G06720.1	AT-IMP, ATKAP ALPHA, AIMP ALPHA, IMPA-1, IMPA1 - importin alpha isoform 1	5.94E-01	1.15	247	5	4	35189	36955	31066	26154	70993	69391	49536	63521	40001	35527	25654	20381
AT1G52510.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.95E-01	1.10	138	3	3	46834	47444	49860	49295	26814	28942	36636	37683	39865	34800	36991	40377
AT5G59750.2	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	5.96E-01	1.49	74	2	1	1570	1602	1874	1164	235	318	670	534	275	907	1291	869
AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family	5.97E-01	1.07	32	1	1	3783	2630	10143	6736	4795	4287	3954	3833	5508	6595	7693	6936
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	5.97E-01	1.19	975	17	13	581307	543514	524841	465341	547731	485051	649552	604562	886892	911348	357390	328061
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.97E-01	1.97	121	2	2	3164	3880	5720	3701	9903	10163	6369	7083	25645	28706	1788	2391
AT3G48860.2	unknown protein	5.98E-01	2.14	44	1	1	604	275	467	306	2722	620	389	203	4195	4966	385	524
AT3G25760.1	AOC1, ERD12 - allene oxide cyclase 1	5.99E-01	1.07	176	3	2	61173	62393	90721	73938	45003	47185	49248	52612	67805	82558	82687	71798
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	6.00E-01	1.04	44	1	1	5425	5103	5059	4154	4410	4983	5857	5359	5511	4197	3285	3832
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	6.00E-01	1.53	68	1	1	1718	1383	1395	1329	3840	3321	3185	2895	5939	6169	852	767
AT4G21710.1	NRPB2, EMB1989, RPB2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	6.00E-01	1.14	24	1	1	2018	2030	3204	3158	4108	4838	2631	2778	2185	3180	2995	3240
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	6.00E-01	1.05	246	6	6	79353	75127	46062	51638	55753	48388	68169	77395	66737	53716	52459	55804
AT3G55620.1	emb1624 - Translation initiation factor IF6	6.01E-01	1.08	22	1	1	3363	4266	6578	4959	4583	3499	3556	4679	2602	3487	5928	5025
AT2G33380.1;AT2G33380.2	RD20, CLO-3 - Caleosin-related family protein	6.02E-01	1.06	142	3	3	45913	49589	70083	61117	64086	71495	68305	61353	48990	65768	48930	49115
AT5G52580.2;AT5G52580.1	RabGAP/TBC domain-containing protein	6.02E-01	1.31	186	3	2	7280	7366	9057	9093	33178	26978	16069	21105	12328	11385	5438	4609
AT2G25730.1	unknown protein; Has 157 Blast hits to 144 proteins in 62 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 101; Fungi	6.06E-01	1.15	73	2	2	2403	2507	5776	3838	1978	1781	3916	3520	2346	1457	5469	4274
AT3G51250.1	Senescence/dehydration-associated protein-related	6.06E-01	1.04	154	3	3	19311	20028	15891	15986	15046	16037	19511	19978	18882	20321	9944	9745
AT2G37410.1	ATTIM17-2, TIM17, TIM17-2 - translocase inner membrane subunit 17-2	6.08E-01	1.23	27	1	1	1611	1301	760	583	1800	3043	2095	1854	1218	584	949	693
AT5G10630.2;AT5G10630.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	6.08E-01	1.03	431	6	5	115276	112417	136040	119059	53666	64906	103209	94342	116750	105531	90001	112476
AT1G78140.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	6.09E-01	1.26	39	1	1	98	154	37	352	1879	2821	1259	1358	662	938	18	0
AT5G24020.1	MIND, ARC11, ATMIND1 - septum site-determining protein (MIND)	6.09E-01	1.09	217	4	4	13154	14861	27897	20606	17997	16936	15044	15584	15440	15069	20691	20445
AT5G53530.1	VPS26A - vacuolar protein sorting 26A	6.10E-01	10.08	68	3	1	1	4	37	0	923	712	4	90	8286	8526	0	4
AT1G27430.1	GYF domain-containing protein	6.10E-01	1.69	27	1	1	2582	1215	1705	1849	10675	9181	4053	3143	1720	2990	2550	1622
AT5G21930.1	PAA2, HMA8, ATHMA8 - P-type ATPase of Arabidopsis 2	6.10E-01	1.07	23	1	1	1396	1657	2878	1701	2295	1620	1358	1241	1777	1242	2097	3041
AT1G65650.1	UCH2 - Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1	6.10E-01	1.02	62	1	1	1381	1233	1857	1820	2528	3145	2698	2801	2315	2815	665	431
AT1G30230.1;AT1G30230.2	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	6.11E-01	1.17	593	7	7	225460	233819	186349	183074	382120	402759	471034	467760	296208	318481	166725	168405
AT4G30825.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.12E-01	1.20	45	2	1	3343	2916	6509	5488	9626	8483	5154	6941	5007	6373	3301	3639
AT5G44280.2	ATRING1A, RING1A - RING 1A	6.12E-01	1.04	31	1	1	934	716	773	828	1039	836	994	594	1009	697	1127	505
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	6.13E-01	1.09	1438	18	17	4955190	4487500	4951497	4439711	2868501	2867571	3462966	3506687	3599618	3687033	4238870	4145614
AT5G17510.1	unknown protein	6.15E-01	1.76	24	1	1	1421	1348	855	1311	3629	3938	5168	4126	5678	6002	569	425
AT5G08440.1	unknown protein	6.16E-01	1.89	39	1	1	254	357	151	74	2281	2549	2306	2350	3011	2924	93	32

AT4G19510.2;AT4G19510.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class)	6.17E-01	1.06	70	2	2	11776	11775	16727	14857	9997	15759	12119	13634	6905	10962	17189	15578
AT4G04960.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	6.17E-01	1.01	29	1	1	399	735	643	421	624	483	243	142	765	856	545	729
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrin	6.17E-01	1.03	747	15	14	85514	87030	95871	84666	148786	124067	107666	110121	109645	116814	100536	99246
AT1G17980.1	PAPS1 - poly(A) polymerase 1	6.17E-01	1.03	61	2	2	21602	24730	34934	28168	14099	23676	22946	25874	23990	26889	28136	24189
AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	6.17E-01	1.26	49	1	1	1328	1273	2383	1423	480	1124	524	1104	1392	1320	2718	3045
AT3G47390.2;AT3G47390.1	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	6.19E-01	1.07	126	3	3	25544	30762	38576	37553	46338	43123	33754	34234	38975	38586	31934	30184
AT1G31070.2;AT2G35020.1	GlcNAc1pUT1 - N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase 1	6.19E-01	1.06	76	2	2	8003	8850	6933	5977	4981	6016	6209	5109	5728	4945	8044	8283
AT5G01530.1;AT3G08940.1	LHCB4.1 - light harvesting complex photosystem II	6.20E-01	1.13	113	2	2	11828	13680	17351	14251	28727	34848	25981	28948	16949	17502	8567	8986
AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	6.20E-01	1.09	123	3	3	14396	21031	12193	12557	13307	16080	18919	26178	25093	21311	3347	3039
AT1G06680.1;AT1G06680.2	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	6.21E-01	1.07	119	2	1	20030	18639	19707	14437	12197	12098	12328	10079	12260	20047	18420	17657
AT2G17360.1;AT5G58420.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	6.23E-01	1.07	96	2	2	5883	6749	7296	6496	3446	3123	5545	6029	3640	5224	7686	7313
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	6.24E-01	1.07	545	7	7	150295	148236	149986	144993	227766	197636	209757	202413	193877	226082	132352	129872
AT3G06440.1	Galactosyltransferase family protein	6.25E-01	1.89	25	1	1	764	810	308	397	48	41	586	562	25	100	1618	1596
AT3G02830.1	ZFN1 - zinc finger protein 1	6.25E-01	1.02	131	2	2	13884	22704	7744	5368	35561	30414	19951	19837	32736	35461	834	4851
AT2G44710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.25E-01	1.03	207	3	3	60035	47882	31246	30818	61832	53221	45401	46099	51865	57288	44140	49810
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	6.27E-01	1.08	2396	37	4	69565	66464	90998	76918	51970	44636	53916	50542	64829	57875	70415	72279
AT1G73110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.27E-01	1.05	115	2	2	26199	22734	29635	20316	23413	18566	25010	24770	27477	23444	16297	17073
AT4G35310.1	CPK5, ATCPK5 - calmodulin-domain protein kinase 5	6.27E-01	1.04	41	1	1	8652	8927	10395	8346	10412	8176	9634	8520	6114	6838	11507	10391
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	6.31E-01	1.03	226	4	2	28350	27598	29382	24897	32359	33516	27180	28159	25808	28864	30379	30712
AT3G54760.1	dentin sialophosphoprotein-related	6.31E-01	1.11	1139	13	9	511903	479294	336845	321202	837634	740750	579675	602481	656299	560116	239010	258227
AT1G22740.1	RAB7, ATRABG3B, RAB75, RABG3B - RAB GTPase homolog G3B	6.32E-01	1.08	81	2	1	6767	7232	11678	10714	8942	12710	9863	9557	8925	9475	8649	7164
AT3G03780.1	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	6.32E-01	1.29	395	8	1	1634	1914	2418	1520	1107	1166	1964	2190	734	968	3651	3113
AT1G64880.1	Ribosomal protein S5 family protein	6.34E-01	2.62	104	2	1	4718	2803	3979	4594	5448	5512	3305	4235	30660	29269	1582	1855
AT3G01500.2	CA1 - carbonic anhydrase 1	6.34E-01	1.05	1171	13	7	1798249	1738967	2546830	2049349	1477708	1410839	1681750	1668391	1629984	1867045	2356648	2362613
ATMG00516.1;AT2G07785.1	NAD1C, NAD1 - NADH dehydrogenase 1C	6.34E-01	1.23	24	1	1	4442	3567	9990	9214	2796	2695	6879	5852	2275	2185	5314	4147
AT3G10410.1	SCPL49, CPY - SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49	6.34E-01	1.41	27	1	1	527	670	422	458	364	83	747	482	83	351	1236	667
AT5G55670.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.35E-01	25.34	63	1	1	0	135	0	209	482	0	0	168	9530	11245	0	0
AT3G10405.1	unknown protein	6.35E-01	1.20	23	1	1	560	823	1002	794	370	836	398	573	80	390	1967	1833
AT1G71710.1	DNAse I-like superfamily protein	6.36E-01	1.15	162	3	3	193691	159879	204751	165965	193995	171683	245208	223507	257415	289237	113419	124105
AT1G66200.3	GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	6.36E-01	1.45	26	1	1	9395	9266	5237	6006	10377	7423	13950	20635	17352	16121	473	651
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	6.37E-01	1.07	3645	43	43	8293717	7960566	5966478	5474246	10559897	9910621	8203642	8448965	9344914	9549197	4672618	4695452
AT1G06380.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	6.38E-01	1.74	24	1	1	158	105	70	84	67	64	88	191	41	25	289	323
AT5G53045.1	unknown protein; Has 122 Blast hits to 122 proteins in 57 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 46; Fungi -	6.40E-01	1.81	28	1	1	153	105	264	175	285	51	77	118	0	1103	259	315
AT5G55610.1	unknown protein	6.41E-01	1.16	69	1	1	2266	1679	5652	4065	2087	3004	2642	2768	1399	2083	4533	2809
AT5G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.42E-01	1.05	67	2	2	16834	17744	22265	19782	13830	13968	16811	15648	9409	13512	23325	20947
AT5G16880.1;AT5G16880.3	Target of Myb protein 1	6.42E-01	1.04	379	6	6	149412	124840	146344	97346	128265	130124	125867	135098	111958	148098	112906	110953
AT3G49870.1;AT5G67560.1	ATARLA1C, ARLA1C - ADP-ribosylation factor-like A1C	6.42E-01	1.50	161	2	2	9107	8073	4528	5350	33700	26676	10212	14339	11104	12016	4091	6536
AT5G10540.1	Zincin-like metalloproteases family protein	6.43E-01	1.06	51	1	1	2668	2172	1402	1414	3004	3206	2681	2174	1574	2191	2856	3258
AT2G27760.2	Protein kinase family protein	6.43E-01	1.83	24	1	1	5784	7223	3784	5365	15845	16738	9488	9231	38043	37829	2928	2807
AT1G42480.2	unknown protein	6.43E-01	1.03	176	1	1	13252	12640	14024	9842	13003	8538	11052	11398	12411	13717	13678	11317
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	6.44E-01	1.39	80	1	1	1795	1999	1804	1918	167	6	579	470	577	472	1601	1820
AT3G40280.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	6.44E-01	1.16	23	1	1	321	586	861	1408	705	599	506	643	526	334	1125	715
AT5G56030.1;AT5G56000.1;AT5G56010.1	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	6.44E-01	1.20	978	13	12	298014	289320	341665	309583	500763	470908	341889	321413	729506	723400	271316	254873
AT3G27080.1	TOM20-3 - translocase of outer membrane 20 kDa subunit 3	6.45E-01	1.05	154	3	3	11236	11256	15856	12564	9029	9288	10356	8951	7083	9158	14957	15289
AT5G26610.1	D111/G-patch domain-containing protein	6.45E-01	1.30	37	1	1	976	1794	1574	807	610	248	2517	2224	1171	901	730	275
AT3G62310.1	RNA helicase family protein	6.45E-01	1.03	82	1	1	1232	995	2110	2144	774	833	643	1245	754	367	2583	2243
AT5G65950.1	unknown protein	6.46E-01	1.01	69	2	2	1450	1391	2808	2048	4632	4830	3576	3860	2329	2230	2805	2571
AT4G01650.1;AT4G01650.2	Polyketide cyclase / dehydrase and lipid transport protein	6.46E-01	1.13	34	1	1	10046	8785	8738	5280	3632	5303	7802	7155	4164	4038	7616	6161
AT2G36880.1	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	6.47E-01	1.07	118	2	2	36156	41962	35695	34554	58849	59577	55559	48310	43377	45634	26673	29709
AT5G62790.2	DXR - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	6.48E-01	16.33	27	1	1	0	0	0	0	160	60	0	0	1544	2045	0	0
AT5G09360.1	LAC14 - laccase 14	6.49E-01	1.39	25	1	1	723	683	989	1043	1099	4654	1059	713	1266	1495	390	1676
AT1G57570.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	6.49E-01	1.10	22	1	1	5412	5956	9438	7933	1445	1060	4213	3811	5618	5588	4339	4952
AT1G75850.1	VPS35B - VPS35 homolog B	6.50E-01	1.04	172	3	3	22601	22054	48371	40305	26070	23080	33162	37017	38404	31882	23073	26397
AT5G63190.1	MA3 domain-containing protein	6.51E-01	1.04	71	1	1	34273	32689	46478	36563	33800	37806	34151	34137	37803	44269	33813	29886
AT5G13280.1	AK-LYS1, AK1, AK - aspartate kinase 1	6.51E-01	1.04	179	3	3	25062	24454	39406	38423	32754	31084	29121	31123	28946	31009	38164	40433
AT5G43650.1	BHLH92 - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	6.51E-01	1.04	25	1	1	4248	3681	3700	3950	619	1087	2770	2940	2384	2007	3397	3052
AT5G13420.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	6.51E-01	1.07	31	1	1	2083	2088	6021	4631	359	575	1468	634	1909	2559	4693	5652
AT5G16970.1	AT-AER, AER - alkenal reductase	6.51E-01	1.04	22	1	1	230	150	454	359	278	400	676	604	157	73	210	220
AT1G18660.1;AT1G18660.4	zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	6.52E-01	1.17	38	1	1	3698	3065	3678	4256	2539	2926	3941	4011	1549	3302	5720	5019
AT5G16210.1	HEAT repeat-containing protein	6.53E-01	1.19	22	1	1	2578	2709	2899	5200	1646	2043	3749	2326	2395	1304	5179	5387
AT1G16190.1;AT1G79650.1	RAD23A - Rad23 UV excision repair protein family	6.53E-01	1.02	96	3	3	22836	19005	19017	13140	13430	13494	10498	10948	24302	30928	11353	10888
AT3G15980.1	Coatomer, beta' subunit	6.54E-01	1.02	283	7	2	180352	180133	149722	164391	163727	148498	143166	155503	193095	142838	166108	162516
AT1G32870.1	ANAC13, ANAC013, NAC13 - NAC domain protein 13	6.55E-01	1.16	24	1	1	11542	10506	5602	7400	18932	16390	14542	12030	10249	10453	5597	7794
AT2G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	6.55E-01	1.10	29	1	1	189	200	200	135	2458	2788	1978	1453	1666	1455	33	0
AT3G18160.2	PEX3-1 - peroxin 3-1	6.56E-01	1.08	25	1	1	4741	5401	6623	5642	4740	3221	3921	4886	3889	6481	7798	5900
AT1G56070.1;AT3G12915.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	6.56E-01	1.05	515	9	9	285173	299218	366845	313224	229980	221695	296824	288546	236943	260337	284274	263246
AT5G08080.3;AT5G08080.1	SYP132 - syntaxin of plants 132	6.57E-01	1.28	48	1	1	4635	3690	10917	11810	829	703	4043	3213	4521	3287	5754	4666
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	6.59E-01	1.30	255	5	1	2295	2892	1358	1776	5598	5182	4387	4562	6520	6822	1027	1510
AT3G14900.1	unknown protein	6.59E-01	1.10	142	3	3	31437	35595	20799	20623	17659	17856	22629	22343	20032	16242	26562	23651
AT5G63570.1;AT3G48730.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	6.60E-01	1.12	48	1	1	7472	6748	9530	8824	6447	6707	6859	7493	5413	6734	10811	13846
AT3G19820.1	DWF1, DIM, EVE1, DIM1, CBB1 - cell elongation protein / DWARF1 / DIMINUTO (DIM)	6.62E-01	1.00	191	5	4	22176	20045	54071	43007	20779	20332	30490	29974	27129	26741	34476	31455
AT3G48500.1;AT3G48500.2	PDE312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	6.62E-01	1.03	332	4	4	77720	74114	84467	75848	84404	97137	84528	74245	104755	93221	78786	75390
AT5G40150.1	Peroxidase superfamily protein	6.62E-01	3.91	23	1	1	3045	1561	0	136	4012	1371	786	473	377	0	284	667
AT1G08800.1	Protein of unknown function, DUF593	6.62E-01	1.03	47	1	1	9850	9747	9255	7328	7194	7954	9439	9600	7900	7718	9183	8861
AT5G37540.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	6.63E-01	1.03	33	1	1	16928	21662	12597	16547	5524	10243	13600	12985	9998	14612	16081	18677
AT3G04290.1	ATLTL1, LTL1 - Li-tolerant lipase 1	6.64E-01	1.08	47	1	1	437	834	1042	739	1231	666	118	793	358	1138	1952	968
AT3G02090.1	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	6.65E-01	1.06	476	9	9	83016	77305	86850	72052	52716	56421	64223	55507	63384	73570	76467	72372
AT1G03430.1	AHPS - histidine-containing phosphotransfer factor 5	6.68E-01	1.07	31	1	1	395	0	1315	170	328	115	212	0	0	312	1438	522
AT4G04340.1	ERD (early-responsive to dehydration stress) family protein	6.69E-01	1.07	110	3	2	22086	24215	21306	22148	36968	30705	31781	30821	32158	33406	19798	19747
AT1G13110.1;AT1G13100.1	CYP71B7 - cytochrome P450, family 71 subfamily B, polypeptide 7	6.69E-01	1.23	174	4	2	1047	1634	1412	2672	263	499	967	1385	226	341	1030	2168
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	6.70E-01	1.06	698	10	10	639452	543198	363508	403263	438302	467305	466566	455952	497292	505077	343501	434938
AT2G42490.1	Copper amine oxidase family protein	6.70E-01	1.02	89	2	2	14080	14817	14633	14739	27946	25013	21834	22912	28171	28928	5390	5753
AT1G11790.1;AT1G11790.2	ADT1 - arogenate dehydratase 1	6.71E-01	1.05	252	3	2	12888	9738	18920	16829	13414	11958	11390	11051	9428	9077	19833	19119
AT1G29370.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	6.72E-01	1.38	193	5	2	15248	14008	3904	6978	2575	3196	4438	8093	4094	2693	5844	8111
AT3G54230.1	SUA - suppressor of abi3-5	6.72E-01	1.31	34	1	1	643	761	712	648	1600	1097	1520	1510	2459	1480	89	103
AT4G04670.1	Met-10+ like family protein / kelch repeat-containing protein	6.73E-01	1.07	44	2	1	405	214	74	174	504	711	119	345	604	593	276	295
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	6.74E-01	1.03	57	2	2	95972	102643	80006	73580	89785	77851	82940	82918	106540	112580	60420	59017
AT1G09850.1	XBCP3 - xylem bark cysteine peptidase 3	6.74E-01	1.05	176	2	2	16271	12058	22499	18458	28632	22415	14189	18347	27058	32565	10480	12232
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	6.75E-01	7.28	52	1	1	361	933	2531	3100	0	0	7	220	169	493	63	0
AT3G06820.2	BRCC36B, AtBRCC36B - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	6.75E-01	6.39	25	1	1	358	199	226	199	1417	354	798	560	8473	7604	150	7
AT5G55230.1;AT5G55230.2	ATMAP65-1, MAP65-1 - microtubule-associated proteins 65-1	6.75E-01	1.04	130	2	2	26392	26381	31242	29424	26482	29373	23068	28637	48495	51622	12441	12421
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	6.76E-01	1.06	300	5	4	70596	63605	43839	46838	76325	68244	56352	59886	65184	58642	51739	55700
AT3G28760.1;AT3G28760.2	unknown protein	6.76E-01	1.61	23	1	1	59	157	713	45	117	54	23	64	186	0	918	657
AT5G05200.1	Protein kinase superfamily protein	6.76E-01	1.08	101	2	2	3490	2501	3789	3747	5398	8835	7299	7461	3848	4191	2984	4114
AT4G30190.1	AHA2, PMA2, HA2 - H(+)-ATPase 2	6.76E-01	1.08	811	12	1	17798	14562	24649	19493	11493	5789	20122	16579	7197	21299	19122	16804

AT1G06290.1	ACX3, ATACX3 - acyl-CoA oxidase 3	6.76E-01	1.01	56	2	2	2252	2304	3324	3515	2315	3741	2188	1335	1534	2950	4385	4883
AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	6.77E-01	1.02	162	3	3	19121	18683	24920	20757	19557	20004	19414	21955	21739	29362	13762	13929
AT3G43190.1	SUS4, ATSUS4 - sucrose synthase 4	6.77E-01	1.04	57	1	1	5052	6209	9112	6497	6890	11966	7612	7531	3011	4013	9524	12182
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	6.77E-01	1.95	25	1	1	3000	2877	110	579	18575	12252	18963	31568	19288	3204	5	6
AT1G25450.1	KCS5, CER60 - 3-ketoacyl-CoA synthase 5	6.78E-01	2.78	23	1	1	649	576	250	282	961	594	2803	3026	2382	959	38	0
AT4G28760.1	Protein of unknown function (DUF3741)	6.80E-01	1.01	23	1	1	4101	6459	4570	4677	3835	4434	3404	3769	2628	3503	5629	8860
AT3G03590.1	SWIB/MDM2 domain superfamily protein	6.80E-01	1.05	23	1	1	2655	4121	3015	3842	923	996	2214	2584	2132	1376	4643	3390
AT1G15730.1	Cobalamin biosynthesis CobW-like protein	6.81E-01	1.05	171	3	3	22037	19771	19202	19151	9717	9776	16677	15248	11978	16279	22112	21937
AT2G44050.1	COS1 - 6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase / DMRL synthase / lumazine synthase / riboflavin synthase	6.82E-01	1.21	83	1	1	2668	3535	3449	3508	1798	2455	3245	3387	1841	1504	5732	5426
AT2G39990.1	EIF2, AteIF3f, eIF3F - eukaryotic translation initiation factor 2	6.82E-01	1.04	495	9	9	178218	152179	170831	151218	226828	199908	154977	157537	205550	199913	153141	167166
AT2G30490.1	ATC4H, C4H, CYP73AS, REF3 - cinnamate-4-hydroxylase	6.83E-01	1.14	148	4	4	4056	4061	5712	4405	11175	12254	10274	10135	4372	4325	3783	3697
AT2G32590.1	unknown protein	6.83E-01	1.04	32	1	1	7313	6686	10430	6513	6120	4566	6434	5804	7574	9466	7153	6711
AT3G63460.1;AT3G63460.3	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	6.83E-01	1.04	980	13	13	744877	713161	912542	742098	1104365	881719	1050001	1080824	779272	842419	779644	764233
AT2G37230.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.85E-01	1.04	34	1	1	11499	8499	8572	8310	30861	31824	18042	20267	24109	24378	8464	8634
AT1G61570.1	TIM13 - translocase of the inner mitochondrial membrane 13	6.86E-01	1.04	105	1	1	11554	11100	17154	12353	11384	8307	9416	10226	12127	14209	14483	14535
AT5G14740.1;AT5G14740.3	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	6.86E-01	1.07	1028	11	5	561121	576648	796531	646826	466485	488080	554159	563170	464798	505923	877315	823687
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	6.87E-01	1.06	69	1	1	5438	5991	8738	7041	6115	7943	6651	6122	5924	5946	9971	9201
AT1G08250.1	ADT6 - arogenate dehydratase 6	6.87E-01	1.03	216	2	2	33584	31992	46973	33339	25959	23697	21947	22182	22755	24164	52399	45955
AT2G41740.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	6.87E-01	1.03	800	11	10	185668	184351	184981	163605	304077	288346	205734	216753	222354	281065	205819	212290
AT1G71830.1;AT4G33430.1	SERK1, ATSERK1 - somatic embryogenesis receptor-like kinase 1	6.88E-01	1.10	33	1	1	1716	1430	2183	1820	842	1466	1701	1563	1362	1141	1633	1231
AT4G16180.2	unknown protein	6.88E-01	1.23	25	1	1	380	368	1411	1142	404	572	835	795	297	426	436	684
AT5G48630.2	Cyclin family protein	6.90E-01	1.30	28	1	1	9602	11500	13024	13130	8452	7984	17206	15671	19710	20282	4270	5705
AT1G05320.1	unknown protein	6.90E-01	1.20	21	1	1	1467	1577	3376	2696	4297	1092	1891	1076	2354	3180	6740	2178
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	6.90E-01	1.08	207	5	3	110106	120796	130434	142669	69220	80677	103789	113662	73004	84271	118317	113768
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	6.92E-01	1.02	2039	30	10	340561	320320	360732	336369	298265	273015	265952	273293	325385	367392	315570	335190
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-t	6.95E-01	1.14	62	2	2	6651	10129	8736	8192	3656	3664	6753	4854	4463	4429	7579	7860
AT3G58220.1;AT3G58220.2	TRAF-like family protein	6.95E-01	1.17	23	1	1	1690	2293	2876	2690	1034	1554	3192	3056	2628	3162	1119	1023
AT4G19710.1	AK-HSDH II, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	6.95E-01	1.09	403	8	3	11398	10698	26039	12964	14611	11799	7590	12276	12329	12899	18183	16883
AT1G65110.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase-related protein	6.97E-01	1.16	20	1	1	1009	1678	3524	2448	1580	1314	1948	1588	1816	1086	1665	1835
AT5G63510.1;AT3G48680.1	GAMMA CAL1 - gamma carbonic anhydrase like 1	6.97E-01	1.04	81	2	2	7097	6616	11206	10147	6471	6464	9455	6390	6740	7489	10125	9921
AT1G30600.1	Subtilase family protein	6.98E-01	1.03	27	1	1	26341	28313	35052	28399	18423	26266	24179	27228	17383	15785	39341	33638
AT3G46740.1	TOC75-III, MAR1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 75-III	6.98E-01	1.12	131	2	2	8526	9488	7628	7769	26382	24894	19096	19161	14903	14636	4128	3737
AT5G15210.1	ATHB30, ZFHD3, HB30, ZHD8 - homeobox protein 30	6.98E-01	1.10	34	1	1	17481	19346	17453	18135	9686	8210	8638	13242	16839	19764	11913	11833
AT1G20450.2;AT1G20450.1	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	6.98E-01	1.30	565	11	11	509778	442317	94501	145352	466959	356773	214962	346542	298586	151433	266859	271855
AT3G57090.1	BIGYIN, FIS1A - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.98E-01	1.04	22	1	1	1178	1848	3131	3489	3042	3547	1994	3001	695	1648	4530	3736
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	6.98E-01	1.04	3464	47	43	2956464	2958059	4014975	3356149	2751234	2608383	2860014	2765403	2835738	3059008	4032410	3812793
AT1G67930.1	Golgi transport complex protein-related	6.99E-01	1.19	254	6	6	12037	11726	20379	17832	35502	35560	18275	23716	19173	15564	18112	16759
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	7.02E-01	1.01	1340	24	24	3258722	3078774	2417482	2258706	2768135	2621231	3076212	3132469	3778524	3447947	1417186	1417053
AT4G16450.1	unknown protein	7.02E-01	1.21	87	2	2	14190	17641	14583	16474	55523	29670	25466	16729	44670	65714	14093	12794
AT1G31780.1	unknown protein	7.03E-01	1.03	95	2	2	5482	5097	8970	7098	5552	7040	7843	6469	4213	3332	8673	7389
AT1G69960.1	PP2A - serine/threonine protein phosphatase 2A	7.03E-01	1.08	192	3	1	4641	3430	3437	3171	6869	7444	4727	5117	7232	7617	3376	3255
AT4G09620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	7.03E-01	1.01	154	2	2	10260	11869	29087	23189	14972	15130	13275	15441	18598	20707	17511	20403
AT5G41940.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	7.04E-01	1.45	101	1	1	2311	2376	1754	855	20800	11594	5992	8943	6418	5219	408	454
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	7.05E-01	1.07	54	1	1	5770	6703	5794	6340	4305	4314	5778	5873	4144	4237	7951	7693
AT1G02130.1	ATRAB1B, ARA5, ARA-5, ATRABD2A, RABD2A, RA-5 - RAS 5	7.05E-01	1.02	96	1	1	15548	14596	30249	22046	16471	17747	17883	18983	16651	19230	23293	23398
AT5G25980.1;AT5G25980.2	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	7.07E-01	1.05	234	4	4	36685	39656	70057	46980	30051	29431	34956	36463	34262	42665	62251	53757
AT3G06930.1	ATPRMT4B, PRMT4B - protein arginine methyltransferase 4B	7.07E-01	1.06	486	10	6	46660	54046	61881	60142	53383	52892	51621	53518	45591	47264	76024	73869
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	7.07E-01	1.05	192	4	2	20917	22059	24539	19160	14228	14169	19550	17567	11843	12926	25840	22386
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	7.08E-01	1.04	2832	37	33	9592666	8982484	7865807	6768343	5702804	5161052	6936769	6826971	6563651	6449276	9754042	9245200
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	7.08E-01	4.13	65	1	1	104	173	102	53	222	371	137	32	2381	1571	76	42
AT2G13680.1	CALS5, GLS2, ATGSL02 - callose synthase 5	7.09E-01	1.09	21	1	1	576	580	1390	806	1224	1459	1375	1547	601	532	895	611
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	7.10E-01	1.05	158	3	3	179456	186165	182666	151232	117540	124192	121364	116957	139752	155404	181181	184995
AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	7.10E-01	1.12	41	1	1	13372	14607	7072	11966	18287	17122	19900	18409	16881	21111	8060	8306
AT3G53420.1	PIP2A, PIP2, PIP2;1 - plasma membrane intrinsic protein 2A	7.11E-01	3.06	77	2	1	3382	1417	1925	1102	36774	29649	4657	5475	6359	3418	1597	2721
AT5G52190.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	7.13E-01	1.47	56	2	2	739	564	1008	395	13237	9561	6088	7527	12065	11506	185	185
AT3G55480.2	PAT2 - protein affected trafﬁcking 2	7.13E-01	1.02	30	1	1	14184	17358	15624	9820	21899	25027	18534	21655	15558	19076	16141	15041
AT5G21170.1;AT5G21170.2	AKINBETA1 - 5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	7.13E-01	1.26	89	2	2	24309	23073	13577	14978	4797	6761	13166	12877	13728	12212	5813	11374
AT3G07160.1	ATGSL10, gsl10, CALS9 - glucan synthase-like 10	7.14E-01	1.06	25	1	1	1116	501	5764	3396	1793	1072	972	1474	1787	4105	1869	2718
AT3G57890.1;AT3G57890.2	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	7.14E-01	1.05	201	5	5	27908	28871	30636	27095	20812	19101	22932	24477	23090	23281	28076	25888
AT1G70410.1;AT1G23730.1;AT1G70410.2	ATBCA4, BCA4, CA4 - beta carbonic anhydrase 4	7.14E-01	1.05	332	6	5	76518	77329	116312	106637	103921	105246	107807	101579	80410	75421	128152	122259
AT1G13980.1	GN, VAN7, EMB30 - sec7 domain-containing protein	7.14E-01	1.06	37	1	1	3905	4830	4524	5170	6334	7619	5496	6585	3192	5228	4678	5485
AT5G02280.1	SNARE-like superfamily protein	7.16E-01	1.04	167	3	3	60614	63506	76197	78824	86525	97851	80166	74809	56879	58601	89036	86198
AT5G63490.1;AT5G50530.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domains-containing protein	7.16E-01	1.01	180	3	3	18926	20857	23210	20617	20185	22081	21276	20882	25283	29692	13860	13522
AT1G17360.1	unknown protein	7.17E-01	1.08	20	1	1	1930	3386	1203	1727	652	1320	2163	2296	2628	1212	466	700
AT1G26860.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.17E-01	1.01	107	2	2	29625	30264	34578	30472	27406	29761	27928	27854	17934	27280	38935	39562
AT3G49240.1	emb1796 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	7.18E-01	1.00	120	2	2	14842	15073	25146	24129	9061	9223	13964	15205	13630	15685	20403	18819
AT4G26970.1	ACO2 - aconitase 2	7.19E-01	1.01	22	1	1	5907	3803	5012	5399	4967	3046	5192	4443	3715	1500	7529	5477
AT5G65685.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	7.19E-01	1.03	204	6	5	22705	22595	36021	32596	15275	14909	19198	20604	24054	20942	34058	29963
AT4G13200.1	unknown protein	7.21E-01	1.10	108	2	2	13361	13978	7778	8928	22600	15490	15070	17450	19994	20736	7775	8955
AT1G51420.1	ATSPP1, SPP1 - sucrose-phosphatase 1	7.21E-01	2.47	28	1	1	0	78	243	165	651	1108	156	0	2041	2665	420	271
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	7.22E-01	3.14	292	4	2	19453	8909	5170	5961	9830	13300	51721	47662	40483	54339	521	1667
AT1G49760.1	PABB, PABP8 - poly(A) binding protein 8	7.23E-01	1.02	30	1	1	2049	3860	3025	2788	946	827	2125	1388	1381	2589	3562	2705
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.24E-01	1.09	94	3	3	30698	30529	32587	28216	19674	14550	23140	23996	22595	24404	25233	23941
AT1G17940.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	7.25E-01	1.09	24	1	1	4195	4172	3368	3349	8124	7480	5909	7187	6929	7248	3172	2952
AT5G57100.1	Nucleotide/sugar transporter family protein	7.25E-01	1.03	24	1	1	27610	23278	35729	31518	31380	20833	33755	27509	42654	24833	17372	19556
AT5G49015.1	Expressed protein	7.25E-01	1.07	21	1	1	5529	4972	885	2684	8482	6878	6077	13715	7044	3337	633	821
AT5G59090.2;AT5G58830.1;AT5G59120.1	ATSBT4.12, SBT4.12 - subtilase 4.12	7.25E-01	1.11	22	1	1	327	523	178	509	97	328	330	457	69	37	442	846
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	7.25E-01	1.30	139	2	2	3014	2525	5331	2806	2324	2028	2370	1693	1657	2900	7145	7658
AT5G61790.1	CNX1, ATCNX1 - calnexin 1	7.26E-01	1.01	296	5	4	430872	452218	392973	321834	484758	480864	500458	493854	542550	669813	200692	194470
AT4G17160.1	ATRAB2B, ATRABB1A, RABB1a - RAB GTPase homolog B1A	7.26E-01	1.13	29	1	1	2191	2682	1324	1252	499	561	1014	1398	2956	2673	568	977
AT5G41190.1	unknown protein	7.27E-01	2.12	27	1	1	2610	1818	2327	2262	1566	1907	5094	5634	8323	6562	385	436
AT3G56640.1	SEC15A - exocyst complex component sec15A	7.28E-01	1.29	25	1	1	10693	11419	17059	9635	2183	5075	6419	3904	6329	6823	10843	9259
AT1G80500.1	SNARE-like superfamily protein	7.28E-01	1.13	145	2	2	23151	20933	28748	26223	55478	52849	38103	37036	31025	32204	21361	23232
AT3G50380.1	Protein of unknown function (DUF1162)	7.28E-01	1.06	47	2	1	8654	11223	4746	6023	2466	4643	8415	10098	3419	4131	6309	7611
AT5G35430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.28E-01	1.02	85	2	2	6501	5574	11022	8391	7824	7342	7824	8487	6801	8039	7175	9267
AT5G11020.1	Protein kinase superfamily protein	7.30E-01	1.53	40	2	2	830	867	1680	2626	5659	8139	866	1782	3195	3345	1916	1823
AT5G57710.1	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.31E-01	1.50	28	1	1	0	0	0	0	489	102	265	0	65	63	0	0
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	7.31E-01	1.04	469	6	6	121698	137258	134554	145358	143866	137023	127419	124823	121898	129833	171312	173929
AT5G51550.1	EXL3 - EXORDIUM like 3	7.31E-01	1.05	28	1	1	6126	5874	10485	10193	5957	5104	6483	4791	6862	8599	11002	8346
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.31E-01	1.04	164	3	3	93439	78312	92502	76338	66220	60993	87003	75662	85052	77117	58552	67813
AT5G58590.1	RANBP1 - RAN binding protein 1	7.33E-01	1.94	40	1	1	7480	6429	5293	5157	15544	12039	18474	24903	25479	28866	1586	1628
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	7.33E-01	1.12	99	2	2	3401	3820	3461	3354	2400	2504	2832	3422	2280	2157	5392	5139
ATCG00420.1	NDHJ - NADH dehydrogenase subunit J	7.35E-01	1.02	287	4	4	35951	41283	85752	69328	53785	51409	45505	45530	61160	72452	61249	59549
AT2G44640.1	unknown protein	7.35E-01	1.11	113	2	2	6882	7572	9573	10191	15853	17403	13521	11345	7875	7583	10503	10024
AT2G30060.1	Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	7.35E-01	1.98	99	1	1	13148	12119	6734	6023	37947	24290	38362	47449	55712	52932	2295	2143

AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	7.36E-01	1.01	190	2	2	52606	54924	61296	40336	26337	25027	37840	40236	39709	40426	56451	48654
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	7.36E-01	1.07	316	7	7	26432	28448	17712	19173	14585	14583	16041	15894	22236	25540	15780	17615
AT5G01400.1	ESP4 - HEAT repeat-containing protein	7.36E-01	1.96	22	1	1	1318	1079	0	366	2191	1987	710	1140	737	255	339	358
AT2G27790.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.36E-01	1.03	31	1	1	618	833	1030	1483	1511	1592	1117	1459	739	364	1246	1907
AT1G73660.1;AT1G18160.1	protein tyrosine kinase family protein	7.38E-01	1.19	99	2	2	66226	68861	64691	57705	76047	64228	72270	72622	110524	138442	41216	38895
AT4G26620.1	Sucrase/ferredoxin-like family protein	7.38E-01	1.19	26	1	1	1451	635	220	123	2518	1281	961	341	1160	999	483	1298
AT1G15750.1;AT1G80490.1;AT3G15880.3	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	7.39E-01	1.20	483	13	6	30093	32256	23185	26232	69712	75229	32601	33930	42833	41236	32158	31669
AT3G49110.1	PRX33, PRXCA, ATPRX33, ATPCA - peroxidase CA	7.39E-01	1.89	31	1	1	1956	2219	6099	4958	272	75	594	504	1123	1045	4680	311
AT5G48790.1	Domain of unknown function (DUF1995)	7.41E-01	1.10	57	1	1	6242	5131	9490	8133	4065	5907	6181	6254	3710	5985	11588	9018
AT1G69840.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	7.41E-01	1.06	70	1	1	7267	6520	11726	11360	7551	7289	8163	8080	5752	8913	8778	9085
AT5G42765.1	unknown protein	7.42E-01	1.01	112	2	2	44265	45458	89247	70593	46973	46897	53700	53089	57990	65108	63213	52983
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	7.42E-01	1.12	1330	20	8	408693	371546	637286	526190	257433	239538	313298	288256	376179	372971	423705	414384
AT4G38350.1;AT4G38350.2	Patched family protein	7.42E-01	1.14	160	2	2	7065	5802	14716	10816	18117	16969	15126	10490	12456	10148	5944	10505
AT2G45540.1;AT2G45540.2;AT3G60920.1	WD-40 repeat family protein / beige-related	7.42E-01	1.07	510	11	11	120010	121172	131781	110569	206565	193634	165510	159036	116995	132386	123837	130699
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	7.42E-01	1.04	669	12	12	304998	308764	369138	335811	273645	269903	262641	258371	323928	314210	391929	379982
AT2G40955.1	unknown protein	7.43E-01	1.15	25	1	1	5826	6542	1719	5039	2608	5116	4394	5072	2290	3401	2887	5248
AT1G80880.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.45E-01	1.18	25	1	1	2257	2164	7480	4318	956	1191	1998	718	2704	6708	1880	1536
AT1G12920.1	ERF1-2 - eukaryotic release factor 1-2	7.46E-01	1.02	124	3	3	13213	15655	12115	10256	15240	12220	16338	16048	20099	14866	5810	6751
AT1G45000.1	AAA-type ATPase family protein	7.46E-01	1.06	310	6	2	14392	12585	23703	17595	4572	9982	8577	14170	7730	14369	22466	20360
AT2G29450.1	ATGSTU5, ATGSTU1, AT103-1A, GSTU5 - glutathione S-transferase tau 5	7.47E-01	1.04	98	1	1	8069	9490	7931	5881	11208	7445	8690	10800	6914	7917	6203	7371
AT5G38480.1;AT5G38480.2	GRF3, RCI1 - general regulatory factor 3	7.47E-01	1.10	547	9	6	269426	256003	418137	319985	163766	185715	234569	220533	305583	249861	244002	216125
AT1G34370.1	STOP1 - C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	7.49E-01	1.12	24	1	1	35373	29985	10335	25192	23569	86302	69437	43025	32574	20029	9959	12800
AT4G29040.1;AT2G20140.1	RPT2a - regulatory particle AAA-ATPase 2A	7.49E-01	1.17	164	3	2	22319	20292	19350	17684	8350	6271	11333	13242	18170	9747	14052	13689
AT3G57160.1	unknown protein; Has 3 Blast hits to 3 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	7.49E-01	1.78	34	1	1	22933	22166	13475	14729	125877	122123	36488	37862	29217	30407	23524	23171
AT1G15710.1;AT5G34930.1	prephenate dehydrogenase family protein	7.49E-01	1.02	109	2	2	3813	3950	5571	5431	4845	4398	4957	4955	2423	2203	6801	7108
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	7.49E-01	1.08	1073	20	19	264395	248197	266884	223865	486470	392563	314073	331963	287065	307696	255350	245069
AT4G33220.1	PME44, ATPME44 - pectin methylesterase 44	7.50E-01	1.03	38	1	1	1127	1721	3445	3819	2115	1738	3182	2224	1256	2721	2284	2672
AT3G55760.1	unknown protein	7.50E-01	1.10	40	1	1	5790	4921	6616	6501	2536	3395	3016	3471	4292	5303	5613	5421
AT5G16050.1;AT3G02520.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	7.50E-01	1.05	788	10	6	163178	127684	222551	134157	217902	200375	185940	156945	223903	194238	145332	111430
AT4G14430.1	IBR10, ATECI2, ECI2, ECHIB, PEC12 - indole-3-butyric acid response 10	7.51E-01	1.10	56	1	1	448	221	383	357	208	177	268	346	83	92	736	445
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	7.52E-01	1.15	93	2	2	5791	8707	4451	4143	19029	22994	25096	21702	11403	14242	1282	990
AT3G47810.1	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	7.53E-01	1.01	269	4	4	67822	56719	85934	61039	54457	59279	57834	55815	34079	50769	93255	90129
AT1G74470.1	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	7.53E-01	1.04	149	2	2	13442	14749	13934	12441	17358	20789	17887	18534	19248	11922	13240	15280
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	7.53E-01	5.24	23	1	1	0	95	44	55	74	195	0	64	1936	352	50	25
AT5G18490.1	Plant protein of unknown function (DUF946)	7.55E-01	1.03	56	2	2	4321	3529	7341	5454	4342	4660	4811	4926	2376	3676	5408	7646
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	7.55E-01	1.02	184	3	3	20926	18816	31995	24739	29629	31266	29392	28001	25792	31467	25539	20833
AT5G40550.1	SGF29 tudor-like domain	7.55E-01	1.31	28	1	1	10803	14878	2228	7169	14346	30037	17584	14794	3926	4898	9526	10095
AT3G16100.1	ATRABG3C, ATRAB7D, RABG3c - RAB GTPase homolog G3C	7.56E-01	1.45	114	2	1	9240	3127	3090	3156	17513	17830	6209	7987	8383	6661	3453	4437
AT1G66820.1	glycine-rich protein	7.57E-01	1.10	24	1	1	897	1931	501	1453	1067	2104	1773	1576	872	361	1525	1132
AT5G60360.2;AT5G60360.1	AALP, ALP - aleurain-like protease	7.57E-01	1.87	37	1	1	1571	1644	1244	1084	327	444	988	1204	248	267	5374	3708
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	7.58E-01	1.05	2232	35	19	537750	491519	650925	474441	810266	711375	662486	630637	771456	825518	486954	464845
AT1G10700.1	PRS3 - phosphoribosyl pyrophosphate (PRPP) synthase 3	7.59E-01	1.22	26	1	1	49366	54745	25237	46826	44419	41824	43557	49970	81129	98147	19837	28815
AT1G26230.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	7.60E-01	1.03	58	2	1	2683	2952	2293	1432	1368	1204	1998	2949	2020	2403	1525	1414
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	7.60E-01	1.02	804	15	15	405527	387337	370471	353945	324314	307354	294141	314398	317466	338113	424860	420708
AT2G42590.1;AT2G42590.3	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	7.60E-01	1.07	576	7	5	415909	275830	509331	355137	487020	332209	398369	336042	656112	494157	353874	291980
AT3G07300.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	7.61E-01	1.03	220	3	3	54187	59749	47342	50358	84886	80752	73854	74942	76206	72316	36342	33493
AT1G62180.2;AT1G62180.1;AT4G21990.1	APR2 - 5'adenylylphosphosulfate reductase 2	7.61E-01	1.07	193	2	2	46280	44462	58429	47180	36199	36688	44660	42726	32897	36347	69363	61904
AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	7.63E-01	1.01	70	2	2	15135	13894	11769	11575	13083	12737	16462	16424	7700	8739	14852	13577
AT1G51980.2;AT1G51980.1	Insulinase (Peptidase family M16) protein	7.63E-01	1.01	485	5	3	43025	41745	38982	41970	44300	36667	41360	44551	30670	30572	47361	49208
AT1G77510.1	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDI6, PDIL1-2 - PDI-like 1-2	7.64E-01	1.05	30	1	1	1821	1747	2124	3125	1023	1255	2413	1804	1176	629	2621	1943
AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	7.65E-01	1.02	66	1	1	8855	9212	12016	9178	7541	10063	8183	7468	5957	11931	10754	11507
AT3G13990.1;AT3G13990.2	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	7.65E-01	1.02	91	3	3	30516	29928	20304	22208	29990	26349	33348	29973	29250	29751	17018	16855
AT5G44650.1	CEST, AtCEST - Encodes a chloroplast protein that induces tolerance to multiple environmental stresses and redu	7.67E-01	1.57	27	1	1	603	1138	1955	1502	286	162	2040	1805	1916	2859	144	118
AT3G55630.1	ATDFD, DFD, FPGS3 - DHFS-FPGS homolog D	7.68E-01	1.42	46	2	2	13968	16401	15779	17042	30937	30678	35992	35720	45312	46257	6401	7105
ATCG00430.1	PSBG - photosystem II reaction center protein G	7.69E-01	1.00	35	1	1	14904	15798	21652	17219	17156	15740	14869	17197	9696	12419	25857	22331
AT2G34310.1	unknown protein	7.69E-01	1.20	134	3	3	63773	53109	56634	59620	79127	56715	78882	80523	109614	108724	28575	36650
AT3G01090.2;AT3G01090.1;AT3G29160.1	AKIN10, KIN10 - SNF1 kinase homolog 10	7.69E-01	1.04	74	2	2	35460	21314	24773	22461	34456	31825	31456	24557	26025	21711	25037	34266
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	7.69E-01	2.33	58	2	2	2421	3334	3188	2406	12087	8802	3359	2870	32307	33645	1662	1252
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	7.69E-01	1.03	694	10	10	167274	160370	229654	194263	154295	155941	164338	162239	137872	194605	226750	212751
AT1G72640.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.70E-01	1.11	112	1	1	12893	13503	17647	11724	15509	10856	13374	16174	20036	23153	9057	9173
AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.70E-01	1.08	210	4	3	35994	37506	50642	51070	19747	23019	34079	29438	24411	20322	54126	39937
AT2G25080.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	7.71E-01	1.39	66	2	2	16746	15370	14406	8993	47742	60319	21020	23033	20195	18207	17167	18042
AT1G15490.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.72E-01	1.09	25	1	1	26303	22902	31511	33759	15487	12420	15279	19392	16597	19707	28955	30670
AT5G23300.1	PYRD - pyrimidine d	7.72E-01	1.04	46	1	1	1092	1661	2709	3110	1261	1741	2365	2167	1024	624	2742	2212
AT1G61010.1	CPSF73-I - cleavage and polyadenylation specificity factor 73-I	7.72E-01	1.12	45	1	1	3233	2945	5107	4682	1398	2103	2865	3496	2258	1478	5858	5820
AT4G00755.1	F-box family protein	7.73E-01	1.98	28	1	1	570	454	477	252	1705	1253	2700	2053	2579	1934	16	23
AT1G43170.4;AT1G43170.1	ARP1, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	7.73E-01	1.04	43	1	1	6583	6427	6019	5676	4107	4180	7084	7798	5222	4568	5052	4664
AT4G25970.1	PSD3 - phosphatidylserine decarboxylase 3	7.74E-01	1.04	28	1	1	1083	1190	2217	2244	1464	2731	2147	2631	2220	1752	1259	1317
AT2G30710.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	7.74E-01	1.02	34	1	1	2862	1445	1688	3194	11478	7308	5017	5122	9792	6214	961	428
AT2G39800.1;AT2G39800.2	P5CS1, ATP5CS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	7.74E-01	1.01	363	6	5	68143	69244	94957	84281	86178	74483	56126	59195	98728	114698	74381	69083
AT5G26749.2	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	7.74E-01	1.29	21	1	1	2176	837	645	691	4514	1768	1408	1512	1408	429	1029	2442
AT3G44120.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	7.75E-01	1.04	27	1	1	16116	18443	20318	27701	32810	31297	20512	20097	17901	15367	37699	29154
AT2G41560.1	ACA4 - autoinhibited Ca(2+)-ATPase, isoform 4	7.76E-01	1.01	203	2	1	15398	14739	34359	25321	47448	32947	39612	33723	28387	28335	19689	21442
AT5G49510.1	PFD3 - prefoldin 3	7.76E-01	1.02	111	1	1	9991	7863	11317	9251	9712	8873	8964	8903	5408	5786	15359	13463
AT1G22060.1	unknown protein	7.76E-01	1.05	74	1	1	5030	5749	8377	7903	4619	4385	5059	4121	4645	7573	7600	5319
AT2G20330.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	7.77E-01	1.03	33	1	1	1873	2396	1272	1430	2771	3139	2593	1813	3599	2455	1162	941
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	7.78E-01	1.03	1054	15	15	2975407	2953901	3832796	3041181	1987837	2014885	2336569	2273668	2579463	3005524	3637881	3453716
AT3G18270.1	CYP77A5P - cytochrome P450, family 77, subfamily A, polypeptide 5 pseudogene	7.78E-01	1.35	26	1	1	540	652	163	350	8302	5058	5806	5241	6156	2899	119	80
AT2G38440.1	ITB1, SCAR2, DIS3, WAVE4, ATSCAR2 - SCAR homolog 2	7.79E-01	1.01	116	3	3	18605	22722	19837	21141	23166	18320	17885	18481	25857	24974	16547	18322
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	7.79E-01	1.05	1770	22	21	8848292	8829181	7492493	6830345	8901342	9033948	8068213	8110635	10046831	12288958	6905033	6897938
AT3G47650.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	7.79E-01	1.47	111	2	1	4361	4065	3363	2561	13506	13399	12504	13449	14242	17753	1560	1141
AT5G40340.1	Tudor/PWWP/MBT superfamily protein	7.79E-01	1.05	51	2	2	4963	3989	3872	4912	2680	3254	3016	3954	3599	3617	4433	3941
AT2G16070.2	PDV2 - plastid division2	7.80E-01	1.05	126	2	2	29365	30314	42004	31834	22309	21606	26276	28448	36144	30399	24751	22933
AT1G13350.1	Protein kinase superfamily protein	7.81E-01	1.00	23	1	1	1662	1969	5258	4308	3739	3435	3231	3227	2689	5022	3172	3026
AT1G54270.1;AT1G54270.2	EIF4A-2 - eif4a-2	7.81E-01	1.01	645	13	1	1067	1201	808	1330	5685	4602	1823	2685	4099	4281	927	956
AT2G47940.1;AT2G47940.2	DEGP2 - DEGP protease 2	7.83E-01	1.07	32	1	1	11075	10522	15810	11441	5876	7066	9211	8427	6714	7114	15560	10921
AT5G06680.1	SPC98, ATGCP3, ATSPC98, GCP3 - spindle pole body component 98	7.83E-01	1.01	50	2	2	3139	3557	5713	3148	2964	2738	2634	2455	1892	3295	5198	5489
AT4G31570.1	unknown protein	7.83E-01	1.03	128	2	2	1605	1718	5188	4333	2198	1982	1071	2550	1125	2199	5412	4158
AT4G03090.1	sequence-specific DNA binding;sequence-specific DNA binding transcription factors	7.83E-01	1.09	26	1	1	3668	3098	2160	2225	8715	6827	4164	4979	7465	4858	1727	1356
AT4G14110.1	COP9, CSN8, FUS7, EMB143 - COP9 signalosome, subunit CSN8	7.84E-01	1.06	170	3	3	9445	9429	11212	12387	21578	20732	17179	17499	14835	15981	7001	7510
AT5G14240.1	Thioredoxin superfamily protein	7.86E-01	1.03	200	2	2	62367	61089	50122	39475	62673	67837	49177	60651	39511	64437	58995	59431
AT4G28030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	7.87E-01	1.13	67	1	1	6991	7361	12548	11403	9950	7510	5006	5847	9798	13530	15623	13075
AT3G20720.2;AT3G20720.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; EXP	7.87E-01	1.02	90	2	2	5283	4715	6252	5574	5436	6229	5039	6563	4641	6049	5258	5384
AT4G33630.1	EX1 - Protein of unknown function (DUF3506)	7.87E-01	1.08	121	2	2	20840	23535	18770	15157	15866	21318	21926	22971	23164	31171	12545	13505
AT2G26570.1	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	7.87E-01	1.03	234	4	3	116508	107887	99357	100511	102433	113068	87501	90591	114567	141069	114471	112619

AT2G45770.2;AT2G45770.1	CPFTSY - signal recognition particle receptor protein, chloroplast (FTSY)	7.88E-01	1.32	79	2	2	877	1280	1618	2355	4311	5847	2320	2151	1188	2040	2730	1925
AT3G43540.1	Protein of unknown function (DUF1350)	7.89E-01	1.03	114	2	2	93565	83490	98667	106715	122429	109602	77298	78659	64496	70694	198964	145272
AT5G15450.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	7.90E-01	1.11	417	8	6	46760	45107	51257	40056	26690	32205	27480	32546	32445	36618	72153	66939
AT1G72370.1;AT3G04770.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	7.91E-01	1.01	497	8	8	710406	699029	961422	849288	464478	458868	598614	582496	743256	839077	714689	695653
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	7.91E-01	1.03	112	3	3	28256	27502	21115	22050	35989	25428	30713	27644	29196	22458	23739	21280
AT5G07390.2	RBOHA - respiratory burst oxidase homolog A	7.92E-01	1.02	23	1	1	39682	39941	77555	57170	67798	69536	44693	50022	56152	66564	72908	68566
AT4G27020.1	unknown protein	7.92E-01	1.00	125	2	2	16010	15205	21397	19140	13904	16855	15702	14503	10102	12844	25357	24046
AT4G19865.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	7.93E-01	1.13	24	1	1	6743	6074	8857	5836	2099	3334	3463	4503	7707	5881	4925	2787
AT1G48630.1;AT3G18130.1	RACK1B_AT - receptor for activated C kinase 1B	7.94E-01	1.03	52	2	2	5809	5117	9085	6003	5693	5144	4919	4204	7325	6921	6800	5441
AT1G18700.1;AT1G18700.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	7.94E-01	1.16	28	1	1	63	224	481	362	362	548	358	330	92	904	440	231
AT5G64030.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	7.95E-01	1.03	36	1	1	1686	2120	4053	3092	918	2025	1874	2288	1744	2093	2847	2677
AT1G69420.1	DHHC-type zinc finger family protein	7.96E-01	7.61	31	1	1	128	114	109	218	373	131	21	0	3664	4252	62	175
AT2G30520.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	7.97E-01	1.01	268	6	6	47638	49150	65549	55787	52703	56144	61931	61938	32593	40422	64305	63638
AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	7.98E-01	1.03	203	4	1	6928	6143	9194	6141	3329	4257	5531	5289	4388	5093	8375	8319
AT4G05420.1;AT4G05420.2	DDB1A - damaged DNA binding protein 1A	7.99E-01	1.03	262	5	5	34676	33440	57818	48831	48248	46409	38980	35647	42037	46555	57541	56436
AT4G34740.1;AT2G16570.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	7.99E-01	1.04	224	5	5	24272	22183	26191	21211	34530	31407	20526	20350	33149	31308	31977	28279
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	7.99E-01	1.04	272	2	2	309004	338341	237598	217978	209766	196913	277191	283297	236799	276788	188951	190955
AT2G41220.1	GLU2 - glutamate synthase 2	7.99E-01	1.00	22	1	1	650	2019	4151	3665	1082	2732	1962	1994	896	2954	3870	2587
AT1G08680.1;AT1G08680.3	ZIGA4, AGD14 - ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	8.00E-01	1.03	223	4	4	69396	66159	51563	44058	55026	65140	67901	68495	50687	58950	50327	45765
AT3G27530.1	GC6, MAG4 - golgin candidate 6	8.01E-01	1.03	637	10	8	242883	253184	220836	183376	133871	137097	179954	186829	241109	271171	154681	168478
AT3G47520.1	MDH - malate dehydrogenase	8.01E-01	1.12	64	2	2	11011	12222	14541	13105	6125	5313	8656	7699	10753	9375	9463	9935
AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	8.01E-01	1.26	167	3	3	24818	32296	25377	20698	46429	33459	27822	28787	70088	70891	16835	15445
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	8.01E-01	1.06	266	4	3	162454	154982	179152	142654	230247	186056	218150	208743	274442	272363	75121	71535
AT2G39460.1	ATRPL23A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	8.02E-01	2.13	37	1	1	10931	9349	3343	3688	11	115	759	566	1314	805	4430	4995
AT1G09630.1	ATRAB11C, ATRABA2A, ATRAB-A2A, RAB-A2A, RAB11c - RAB GTPase 11C	8.02E-01	1.06	176	3	2	37888	41328	77312	65173	20497	23463	42124	40707	36229	44805	42852	44576
AT1G42440.1	unknown protein	8.03E-01	1.03	184	3	3	98492	110494	72516	80240	83346	85908	91133	96641	105926	111856	71113	71314
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	8.04E-01	1.05	370	6	5	69151	59081	68583	52094	25611	18213	50453	38944	51658	47403	45893	44091
AT5G56710.1;AT2G19740.1;AT4G26230.1	Ribosomal protein L31e family protein	8.04E-01	1.10	107	2	2	102812	98957	107819	81780	192003	193864	111028	113565	117168	112786	121623	130759
AT1G58080.1	ATATP-PRT1, HISN1A, ATP-PRT1 - ATP phosphoribosyl transferase 1	8.04E-01	1.06	43	1	1	1289	1096	1326	987	514	314	1022	596	435	348	1577	1221
AT5G65270.1	AtRABA4a, RABA4a - RAB GTPase homolog A4A	8.05E-01	1.05	100	2	2	3710	3455	6131	6678	5308	4816	5102	5276	4399	3571	5075	5169
AT1G19870.1	iqd32 - IQ-domain 32	8.05E-01	1.02	655	11	9	158272	157307	116578	97910	168089	140465	156637	168526	150204	148677	116594	115027
AT5G64300.1	ATGCH, GCH, ATRIBA1, RFD1 - GTP cyclohydrolase II	8.05E-01	1.08	112	3	1	7235	5780	6091	3594	6119	5306	7154	6609	8690	7233	3794	3477
AT2G20950.1;AT2G20950.2	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	8.05E-01	1.08	64	2	2	4089	3768	4635	4237	7168	7584	6427	6991	8313	8893	1867	1581
AT4G27090.1	Ribosomal protein L14	8.07E-01	1.03	80	2	2	3706	3642	8079	7182	1690	1907	2353	2564	5007	6040	4685	4702
AT3G05000.1	Transport protein particle (TRAPP) component	8.07E-01	1.07	55	1	1	3982	3758	1904	2201	11060	9904	9864	10894	6890	5794	842	797
AT5G35370.1	S-locus lectin protein kinase family protein	8.08E-01	2.14	20	1	1	2976	4047	1285	3264	14942	42139	5677	5614	3580	2325	9088	5792
AT2G34680.1	AIR9 - Outer arm dynein light chain 1 protein	8.09E-01	1.10	56	1	1	623	581	107	213	8101	6305	4612	3930	4502	4339	39	163
AT2G07698.1	ATPase, F1 complex, alpha subunit protein	8.09E-01	1.02	1204	19	16	656271	643481	861000	699757	800438	785838	648430	668408	682843	717719	853684	800459
AT1G18420.1	Protein prenyltransferase superfamily protein	8.09E-01	1.02	71	1	1	4321	5143	7459	4985	4264	3642	3403	3779	3291	4849	7010	6905
AT5G10920.1	L-Aspartase-like family protein	8.09E-01	1.04	27	1	1	918	1366	1527	1221	1779	992	1574	1180	1430	778	1123	1430
AT1G62020.1	Coatomer, alpha subunit	8.09E-01	1.36	971	15	4	52147	45638	70132	66332	107481	78435	84673	93304	183671	158253	25684	27326
AT1G73460.1;AT1G73450.1	Protein kinase superfamily protein	8.12E-01	1.01	102	3	3	31169	30217	20260	22000	26875	24420	25469	27408	35727	30687	15883	18335
AT2G23670.1	YCF37 - homolog of Synechocystis YCF37	8.12E-01	1.02	36	1	1	14959	15132	14586	16197	14690	10304	13061	12984	12814	11749	16160	17208
AT3G20680.1	Domain of unknown function (DUF1995)	8.13E-01	1.02	43	1	1	1230	856	367	407	2582	2512	861	1304	2616	2197	538	561
AT3G09650.1	HCF152, CRM3 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.13E-01	1.32	34	1	1	2470	4250	1860	2448	9628	13393	6252	8310	11373	16335	735	2031
AT1G32900.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	8.14E-01	1.04	71	2	2	3622	3581	5499	4043	3300	2782	3855	3858	2589	3543	5662	4190
AT2G18470.1	PERK4 - roline-rich extensin-like receptor kinase 4	8.15E-01	1.25	29	1	1	8979	7396	9763	6829	5434	4228	3771	4062	7413	5184	15744	16908
AT2G42500.1;AT2G42500.2;AT2G42500.3	PP2A-3 - protein phosphatase 2A-3	8.15E-01	1.02	198	4	3	95002	107056	121594	113104	119157	124009	118038	110370	99675	99671	136269	129119
AT3G10350.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	8.16E-01	1.29	68	2	1	2025	2452	3015	1867	3500	3155	3802	4794	5703	4144	925	1242
AT2G20420.1	ATP citrate lyase (ACL) family protein	8.19E-01	1.07	51	2	2	4507	4660	3350	5556	8527	9453	7006	7941	4709	3106	6399	4458
AT2G44210.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	8.19E-01	1.26	73	1	1	33645	42979	34951	33989	9849	7440	17467	15266	18741	17405	26775	33838
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	8.20E-01	1.19	52	2	1	3893	4672	6369	4402	1893	1006	2843	2153	2760	1799	3931	5168
AT1G55880.1	Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein	8.20E-01	1.27	27	1	1	772	830	436	840	30	39	436	391	39	73	1501	1301
AT5G08230.1	Tudor/PWWP/MBT domain-containing protein	8.21E-01	1.12	43	2	2	12928	9641	13602	11048	17321	13333	8812	8007	10718	15939	20497	23143
AT4G10480.1;AT4G10480.2	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	8.21E-01	1.20	403	4	4	479722	439065	376972	354509	639312	545801	666554	712547	763627	815217	226564	214303
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	8.21E-01	1.01	344	7	7	100277	93922	82795	77830	92387	89090	71929	85245	81708	83665	101997	105950
AT3G06290.1	SAC3/GANP/Nin1/mts3/eIF-3 p25 family	8.22E-01	1.03	31	1	1	29323	31354	33316	26279	11307	16790	24322	21507	10689	14241	37013	35778
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	8.22E-01	1.20	163	3	3	165512	138353	99231	94365	111809	86118	155604	148772	214145	208280	51178	57508
AT3G48140.1	B12D protein	8.22E-01	1.96	32	1	1	12690	14231	13032	11026	12178	11433	34881	36246	37234	36276	824	855
AT1G26780.1	MYB117, AtMYB117, LOF1 - myb domain protein 117	8.23E-01	1.00	25	1	1	46465	43151	38198	26128	22158	27619	31674	40989	38859	35730	28557	28788
AT3G20650.2	mRNA capping enzyme family protein	8.25E-01	1.05	26	1	1	1100	2120	3665	2171	4961	3920	3276	2850	2383	3304	2689	2499
AT5G23150.1	HUA2 - Tudor/PWWP/MBT domain-containing protein	8.26E-01	5.30	26	1	1	249	84	54	333	241	380	854	1220	3002	1951	0	74
AT1G31800.1	CYP97A3, LUT5 - cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	8.26E-01	1.02	266	6	5	16430	15027	22932	21598	22596	20678	17574	21351	24019	21354	16155	16052
AT2G17840.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	8.28E-01	1.13	311	5	4	16097	20383	13686	11722	40463	36154	23936	28001	23887	21280	11935	13498
AT1G06660.1	LisH and RanBPM domains containing protein	8.28E-01	1.03	94	1	1	6520	7841	13249	10210	10861	8801	8383	5853	8266	12267	11692
AT5G58640.1	Selenoprotein, Rdx type	8.28E-01	2.17	24	1	1	2151	1179	773	1084	2653	1679	4440	3591	5631	6542	203	203
AT3G21865.1	PEX22 - peroxin 22	8.29E-01	1.05	77	1	1	890	1099	1792	1458	920	899	892	1244	866	834	1496	1422
AT4G38690.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	8.30E-01	1.06	29	1	1	3088	3364	6668	6514	5194	5620	6353	6265	3653	4045	4276	4204
AT5G08160.1	ATPK3, PK3 - serine/threonine protein kinase 3	8.31E-01	1.05	23	1	1	1352	1590	2803	1979	2814	2643	2603	2361	1194	1746	2437	2254
AT5G57290.1;AT5G57290.2	60S acidic ribosomal protein family	8.31E-01	1.01	301	5	3	219980	223228	176307	146803	267009	233183	245790	240471	294237	217913	141929	117771
AT5G16280.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.31E-01	1.21	20	1	1	449	346	1422	219	45	272	476	625	120	286	208	559
AT5G17890.1	CHS3, DAR4 - DA1-related protein 4	8.32E-01	3.28	28	1	1	355	0	638	50	3026	3603	828	236	233	0	567	476
AT1G56340.1;AT1G56340.2	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	8.34E-01	1.03	1063	16	13	2211565	2262657	1848980	1741989	2272717	2132797	2396368	2310518	2954138	3015584	1112440	1108657
AT2G46900.1	unknown protein	8.34E-01	1.16	30	1	1	12767	8069	10908	3002	16882	11755	6663	8044	6737	13744	9399	10118
AT5G32470.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	8.35E-01	1.08	23	1	1	831	890	1618	2688	2148	2552	2124	1614	1027	688	2531	1974
AT1G22430.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	8.35E-01	1.11	91	2	1	501	272	1611	836	1018	1871	1028	1023	634	715	1211	904
AT4G08450.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	8.37E-01	1.14	48	2	2	3828	5581	5630	6152	3354	4582	4304	5049	8620	9204	3091	2843
AT2G36620.1	RPL24A - ribosomal protein L24	8.38E-01	1.03	84	2	2	8999	9339	3918	6209	17081	15641	9551	8202	15804	17849	3391	4684
AT1G11650.1;AT1G11650.2	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.38E-01	1.03	365	4	3	91564	87110	93603	85687	111604	112747	98849	100285	75187	85674	121906	115679
AT1G54410.1	dehydrin family protein	8.41E-01	1.07	108	2	1	4426	3525	743	1373	3646	3363	2620	3249	1899	849	5009	4618
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	8.41E-01	1.01	172	3	2	54986	47632	60241	48821	73353	82944	50638	52470	42939	46468	88489	82543
AT3G60770.1	Ribosomal protein S13/S15	8.42E-01	1.19	24	1	1	471	1355	721	967	5192	2128	2136	1884	4513	3542	313	488
AT5G37475.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	8.42E-01	1.01	67	1	1	6293	7251	4877	5813	4818	5258	5605	6078	5955	6439	5949	4649
AT2G21330.1	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	8.43E-01	1.04	981	13	6	649983	634029	965601	688086	536696	534368	550337	560422	526743	664209	923715	932782
AT1G06220.1	MEE5, CLO, GFA1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	8.46E-01	1.02	297	3	3	651275	598100	920473	671980	523166	529700	596019	568066	650730	920307	624759	602157
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	8.46E-01	3.13	1481	18	1	148	262	3	95	1424	1996	582	857	8016	2792	30	0
AT3G23490.1	CYN - cyanase	8.46E-01	5.23	26	1	1	21	0	0	0	369	0	44	0	0	0	30	0
AT4G31900.1	PKR2	8.47E-01	1.04	28	1	1	5147	7764	5098	5775	8579	12543	10593	11205	6305	8859	4848	5051
AT3G62290.1;AT1G10630.1;AT5G14670.1	ATARFA1E, ARFA1E - ADP-ribosylation factor A1E	8.47E-01	1.01	583	9	8	455761	426631	655523	706158	682113	691214	576433	548083	492276	621841	728394	687179
AT2G32730.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	8.48E-01	1.01	631	10	3	44400	35560	61263	54090	35941	29092	43452	41727	49483	41355	41539	40823
AT3G16830.1	TPR2 - TOPLESS-related 2	8.50E-01	1.01	368	9	3	35218	33487	35512	33317	42224	42260	40989	44049	24905	23489	45703	44158
AT5G15090.1	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	8.50E-01	1.05	94	2	2	42463	42654	54600	39104	24902	27742	29452	30186	26293	50625	51940	53633
AT1G47710.1	Serine protease inhibitor (SERPIN) family protein	8.53E-01	1.15	41	1	1	1826	2449	1943	2329	1244	1674	2080	1966	1734	705	3660	3081
AT2G20930.1	SNARE-like superfamily protein	8.53E-01	1.02	73	2	2	4870	4733	5636	2489	4735	3396	4767	2364	2866	3994	5784	5589
AT3G53180.1	glutamate-ammonia ligases;catalytics;glutamate-ammonia ligases	8.54E-01	1.03	30	1	1	5500	4104	7523	5457	4589	4692	4005	5176	4757	2398	8239	8095

AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	8.55E-01	1.09	435	4	4	212017	201623	240417	159557	210856	197340	202782	195765	312244	342989	140496	137793
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	8.56E-01	1.01	256	5	5	67572	71804	80039	77337	69915	68473	64408	66902	64664	82336	78842	75008
AT5G17710.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	8.56E-01	1.12	154	4	4	10409	13595	6036	7338	3363	2864	6954	4865	11217	8668	3832	3362
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	8.57E-01	1.01	626	13	12	245369	252674	290134	273078	233991	224787	239692	216017	218146	233334	304969	296448
AT3G29310.1	calmodulin-binding protein-related	8.58E-01	1.22	64	1	1	3472	5507	1653	1736	15681	15635	10879	12544	14686	12889	969	1123
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	8.59E-01	1.06	295	5	5	29592	30080	32575	38657	20037	25416	25731	28535	22396	21051	46894	42077
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	8.59E-01	1.02	192	3	1	7804	6123	9328	6289	7262	6696	6558	7923	11972	8976	5384	3727
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	8.59E-01	1.01	147	3	3	42394	44467	50270	40556	39462	37840	42789	43823	35725	45307	45129	44510
AT5G08390.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	8.59E-01	1.06	26	1	1	15212	12625	16765	13160	7334	6774	7333	8116	13671	12962	12967	12493
AT1G16270.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	8.60E-01	1.05	96	3	3	11332	10623	5872	5843	25156	20340	20074	21134	13869	11377	4115	5101
AT5G02530.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.61E-01	1.01	26	1	1	13648	13561	15758	13474	5849	7946	7152	16098	4772	8266	17864	16715
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	8.61E-01	1.01	234	3	2	12276	14948	19862	15509	5526	7552	9566	11383	7721	13428	14519	18546
AT3G20170.1	ARM repeat superfamily protein	8.63E-01	1.17	26	1	1	800	581	1674	1074	128	300	353	649	369	726	993	820
AT5G05520.1	Outer membrane OMP85 family protein	8.66E-01	1.04	373	4	4	364372	259688	242971	228827	484290	350672	296162	320585	390799	409775	211136	235586
AT1G02120.1	VAD1 - GRAM domain family protein	8.67E-01	1.08	61	2	2	5459	5442	3873	3911	1623	2510	4219	3683	1657	2459	6781	5755
AT5G65010.1	ASN2 - asparagine synthetase 2	8.67E-01	1.02	326	6	6	155037	144982	185158	183491	114372	104270	115244	112523	170601	189356	154220	161289
AT3G05030.2;AT5G27150.1	NHX2, ATNHX2 - sodium hydrogen exchanger 2	8.68E-01	1.04	35	1	1	2482	1923	3781	2979	4149	4819	4384	3354	1878	7153	1925	2168
AT5G53440.1	unknown protein	8.70E-01	1.20	208	4	4	5787	4777	6154	5400	14404	10479	6545	5137	20717	18825	2420	2880
AT1G50480.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	8.70E-01	1.03	38	1	1	2039	1860	1641	1702	3435	2077	1609	2281	2337	1291	2143	2719
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	8.71E-01	1.05	228	3	2	58280	60628	56423	45443	58800	66056	75897	66434	84933	74597	30470	29527
AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/YVTN repeat-like protein	8.72E-01	1.08	62	1	1	10023	7089	20839	11112	6497	7747	7687	6636	7673	9464	14298	12642
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	8.75E-01	1.06	700	9	9	3532649	4122731	2628302	2427037	2453109	2501961	3060978	3185063	4525210	3904464	2194368	1778469
AT5G44000.1	Glutathione S-transferase family protein	8.76E-01	1.04	61	2	2	33785	33189	20741	20524	11248	13162	25787	22873	21125	24534	15168	18521
AT3G57300.1	INO80, ATINO80 - INO80 ortholog	8.76E-01	2.08	22	1	1	674	496	722	488	1262	951	1626	1967	2387	3358	69	154
AT5G55540.1	TRN1, LOP1 - tornado 1	8.77E-01	1.07	32	1	1	4620	5277	414	3238	611	2600	1406	3133	1079	168	4134	8032
AT2G21440.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.77E-01	1.05	30	1	1	4111	4105	6145	4977	5894	3965	5860	5848	7050	5143	3463	3235
AT4G22485.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	8.78E-01	1.05	161	2	2	26506	24506	32052	23961	28122	26692	25273	25292	29769	45845	20938	23001
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	8.79E-01	1.01	1163	15	14	867410	828375	1206795	921475	1151700	974093	877738	878125	1038803	1079747	1051494	1056761
AT1G23860.1;AT1G23860.4	SRZ-21, SRZ21, RSZP21, RSZ21, At-RSZ21 - RS-containing zinc finger protein 21	8.79E-01	1.01	29	1	1	1817	2478	2405	1904	1352	820	1640	1607	2781	1619	1704	1359
AT3G44310.2	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	8.80E-01	1.54	187	4	1	22	475	0	212	96	268	0	347	569	216	524	0
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	8.80E-01	1.15	92	2	1	1643	1680	1676	1746	1932	1295	2159	1379	725	1388	3331	2503
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	8.80E-01	2.44	1182	18	1	266	0	367	0	90	0	83	0	0	0	806	877
AT3G46040.1;AT1G07770.1	RPS15AD - ribosomal protein S15A D	8.80E-01	1.33	33	1	1	5652	5556	4680	4595	72557	60651	20458	25380	33320	29667	3388	3271
AT1G01100.1;AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein family	8.81E-01	1.04	672	9	6	1936861	2247177	1999344	2037563	2064133	2081122	2227676	2118269	2199958	3149241	1604657	1599245
AT5G65683.1	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	8.81E-01	1.06	23	1	1	494	1556	1665	1614	473	556	324	754	1180	2203	858	1406
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	8.82E-01	1.05	1231	23	21	731823	714723	780102	683423	612303	556150	582005	592746	973446	1044215	565791	540021
AT1G04080.1;AT1G04080.2	PRP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.83E-01	1.02	651	7	7	140362	129490	187385	156226	118841	98485	117179	121757	106127	133596	162310	170362
AT2G39020.1;AT2G39030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	8.85E-01	1.01	430	8	8	589957	582306	833806	765166	683121	639888	624616	570967	545624	660668	827768	827960
AT2G26600.1	Ankyrin repeat family protein	8.85E-01	1.03	25	1	1	559773	474604	444909	565941	368362	632610	683111	559270	489327	334769	601818	464389
AT3G46530.1;AT3G46710.1	RPP13 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	8.85E-01	1.03	72	2	2	4107	3925	6948	5393	5788	5539	5882	4937	4280	4292	6310	5217
AT5G07300.1	BON2 - Calcium-dependent phospholipid-binding Copine family protein	8.88E-01	1.04	50	1	1	1759	2056	2148	2305	3117	4079	3693	2870	2092	1738	2475	2066
AT4G38740.1;AT2G21130.1	ROC1 - rotamase CYP 1	8.89E-01	1.00	23	1	1	524	596	499	869	307	603	494	858	229	696	688	440
AT2G26880.1	AGL41 - AGAMOUS-like 41	8.91E-01	1.05	21	1	1	17459	16771	34230	30215	30018	26589	20406	20301	24726	28518	28660	25687
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	8.93E-01	1.04	544	7	4	1264484	1487263	1116320	1238062	1324550	1295544	1440493	1349538	1393655	1926671	971365	966460
AT5G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGER3, GER3 - germin 3	8.94E-01	1.02	247	3	3	161033	165213	264168	217889	122225	137094	121435	128288	148509	171857	237997	236237
AT5G55730.1	FLA1 - FASCICLIN-like arabinogalactan 1	8.95E-01	1.00	65	1	1	13269	10520	10193	7533	14191	14492	11548	11760	9281	13277	12677	11402
AT1G52280.1	AtRABG3d, RABG3d - RAB GTPase homolog G3D	8.97E-01	1.10	116	2	1	11612	15067	19609	17629	7853	7554	15983	17438	21559	20132	6702	5587
AT5G02050.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	8.97E-01	1.02	132	3	3	34183	32047	30407	22596	22186	20231	26532	27471	29855	34021	20094	20562
AT5G08560.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	8.98E-01	1.17	54	1	1	1974	1908	3515	2226	1973	2195	2017	2448	1812	888	4775	4149
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	8.99E-01	1.22	282	5	1	9778	9958	10588	9769	2515	2498	5045	5139	8303	7524	5317	5794
AT1G54580.1	ACP2 - acyl carrier protein 2	9.01E-01	1.04	55	1	1	4820	5318	5263	4201	2985	2805	4253	3655	4038	5298	4024	3197
AT5G10250.1	DOT3 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	9.01E-01	1.09	23	1	1	2168	1667	1262	2787	481	1820	2291	868	844	1250	1826	2286
AT4G31080.1;AT4G31080.2	Protein of unknown function (DUF2296)	9.02E-01	1.11	39	1	1	7614	6584	7164	7450	9541	8414	8711	9789	12272	13871	4004	3034
AT4G12770.1;AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	9.02E-01	1.03	229	4	2	54414	62423	52866	43522	85442	73390	56408	60293	63047	75915	53572	51522
AT5G58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	9.02E-01	1.18	118	3	3	21539	20735	17828	17571	46400	44514	42168	40908	50129	53048	6958	6443
AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	9.02E-01	1.04	75	1	1	5769	6011	7783	6420	5395	5386	5068	4679	4607	8080	7931	7927
AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	9.02E-01	1.02	83	2	2	5801	5774	6698	6489	6576	5506	4417	5414	6119	4443	9280	7928
AT1G78380.1	ATGSTU19, GST8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	9.03E-01	1.11	73	2	2	7348	8153	11327	12057	12053	10748	9217	8960	18722	17836	7256	6192
AT1G56560.1;AT3G05820.1	Plant neutral invertase family protein	9.04E-01	1.03	379	7	6	52917	55834	95421	69705	73402	90518	54636	60092	69807	74094	84476	83134
AT5G08520.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	9.04E-01	1.08	46	1	1	3717	4604	5713	3916	1768	1543	3156	3362	3119	3906	2973	3202
AT3G46830.1;AT1G07410.1;AT4G08190.1	ATRAB11A, ATRABA2C, ATRAB-A2C, RAB-A2C, RABA2c - RAB GTPase homolog A2C	9.04E-01	1.20	346	7	2	20863	19078	43965	35557	8572	11746	19608	17686	16124	21818	19839	21342
ATCG00680.1	PSBB - photosystem II reaction center protein B	9.04E-01	1.22	49	1	1	7320	4884	14298	9487	4368	5511	11675	12844	2737	2162	13789	12801
AT2G17410.1	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	9.04E-01	1.02	350	5	5	77301	81772	54873	53944	98047	80992	67509	81048	83080	94906	52555	59347
AT1G30380.1	PSAK - photosystem I subunit K	9.08E-01	1.03	37	1	1	9067	6703	10854	11399	12409	14628	7804	9047	12302	12239	11176	10455
AT5G50420.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	9.09E-01	1.61	22	1	1	2996	3202	2737	2605	3037	3601	5975	6638	7697	8085	485	415
AT4G31810.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	9.09E-01	1.10	44	1	1	2767	2276	4779	4702	1137	1440	1890	3432	2299	2525	2830	2600
AT5G17410.1	Spc97 / Spc98 family of spindle pole body (SBP) component	9.14E-01	1.03	29	1	1	2908	3087	4377	3221	1646	1495	2587	2568	1735	3327	3177	2912
AT1G21210.1	WAK4 - wall associated kinase 4	9.14E-01	1.03	24	1	1	4037	4082	175	2713	448	1186	1187	3137	466	241	4167	3846
AT5G54500.2;AT4G27270.1;AT5G54500.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	9.15E-01	1.06	82	2	2	6527	6127	5839	8319	4686	5654	6804	5465	3805	3120	11372	8896
AT3G18580.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	9.15E-01	2.16	62	1	1	221	63	201	239	8003	6952	3727	5141	14833	10097	0	7
AT4G24550.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	9.16E-01	1.06	297	6	6	55930	55192	64942	66258	119067	109902	84765	84167	75017	74229	61717	64359
AT2G34470.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	9.16E-01	1.04	163	3	3	12966	11570	10191	9770	20481	14736	14432	10067	14614	12729	14243	10762
AT5G08450.1	unknown protein	9.18E-01	1.48	24	1	1	1975	2498	1874	2142	1503	947	3678	3937	4335	3628	319	272
AT2G19830.1	SNF7.2, VPS32 - SNF7 family protein	9.20E-01	1.01	141	2	2	71958	79166	68685	57584	78256	69633	90263	79421	72742	68560	60294	59867
AT5G24520.1	TTG1, TTG, URM23, ATTTG1 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.20E-01	1.07	112	3	3	4176	3087	2808	3364	13611	10290	7207	6616	8090	8966	2214	1738
AT3G11830.1;AT3G11830.2	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	9.21E-01	1.00	343	4	4	18588	19640	31590	23912	25030	25581	21803	20323	25677	27594	25077	23709
AT2G25370.1	RING/U-box superfamily protein	9.22E-01	1.03	44	2	2	806	880	676	622	202	456	648	581	275	296	776	966
AT1G44910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	9.22E-01	1.01	162	2	2	61542	67014	67529	46829	46105	46040	44441	46162	53622	77846	62760	55195
AT3G14420.1;AT3G14420.3;AT3G14420.5	Aldolase-type TIM barrel family protein	9.22E-01	1.02	1413	15	1	6760	5756	4598	3533	65610	49395	38042	33972	33172	24901	1908	1629
AT1G71820.1	SEC6 - SEC6	9.23E-01	1.01	131	2	2	5485	4978	7619	7771	9018	8608	7837	9583	5039	5356	8016	7093
AT3G52750.1	FTSZ2-2 - Tubulin/FtsZ family protein	9.23E-01	1.17	364	5	1	2287	2183	495	978	448	349	1417	1110	610	602	1457	564
AT1G06230.1	GTE4 - global transcription factor group E4	9.24E-01	4.65	44	2	1	90	244	0	0	4186	3296	488	724	0	434	13	23
AT1G57770.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	9.24E-01	1.06	119	2	2	16026	15646	29676	16079	12254	10079	13973	15071	11760	13683	21627	18204
AT4G11150.1	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	9.24E-01	1.02	190	3	1	18964	17608	39908	25642	16596	13740	19186	14354	24580	32042	22112	18181
AT5G42870.1;AT5G42870.2	ATPAH2, PAH2 - phosphatidic acid phosphohydrolase 2	9.25E-01	1.03	81	2	2	2968	2883	3360	3251	1393	2014	2612	2637	1244	2654	4014	3251
AT1G64520.1;AT5G42040.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	9.26E-01	1.01	780	12	12	348128	342908	498195	438123	355241	359309	343767	362192	331884	335157	492217	462162
AT1G64550.1	ATGCN3, GCN3 - general control non-repressible 3	9.28E-01	1.00	145	2	2	48872	44618	78628	47217	45011	41313	42964	39756	51189	67813	52868	51355
AT2G41520.1	TPR15 - Heat shock protein DnaJ with tetratricopeptide repeat	9.29E-01	2.91	26	1	1	72	490	98	361	5002	7864	1652	1547	505	692	163	204
AT4G15640.1	unknown protein	9.30E-01	1.57	22	1	1	318	413	227	552	7253	6776	1089	1869	3764	2850	168	138
AT3G11910.1	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	9.32E-01	1.06	428	10	3	12211	12606	11484	9805	9160	13247	9380	10573	7786	9489	17701	17586
AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	9.32E-01	1.11	319	6	6	38495	30163	44570	34891	95358	81888	53459	60547	42512	36303	48219	52537
ATCG00660.1	RPL20 - ribosomal protein L20	9.33E-01	1.15	58	1	1	1339	1309	837	873	16461	16335	3904	4688	13207	9410	635	367
AT3G19770.1	ATVPS9A, VPS9A, VPS9 - Vacuolar sorting protein 9 (VPS9) domain	9.35E-01	1.01	122	2	2	35637	35824	34336	25652	34177	40092	38864	43260	29042	32290	35608	28724
AT4G13510.1	AMT1;1, ATAMT1, ATAMT1;1 - ammonium transporter 1;1	9.35E-01	2.20	29	1	1	555	45	1021	23	3950	212	1046	851	177	116	319	128
AT3G49800.1	BSD domain-containing protein	9.37E-01	1.14	44	1	1	10184	2578	427	3638	280	1316	563	5826	289	209	6816	7255

AT5G58510.1	unknown protein	9.38E-01	1.05	34	1	1	806	410	261	739	4173	926	2268	2096	1022	1916	127	282
AT1G74020.1	SS2 - strictosidine synthase 2	9.38E-01	1.05	91	2	2	2133	1584	2963	1991	4463	3589	3631	2428	2894	1716	3114	2135
AT5G08650.1	Small GTP-binding protein	9.38E-01	1.04	86	1	1	10460	8366	13811	11747	9763	8457	8605	8920	6695	12631	15494	12517
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	9.41E-01	1.00	52	2	1	1390	1514	1784	1947	1182	1160	1500	1543	1178	1679	1803	1277
AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	9.42E-01	1.03	135	4	4	21434	20132	10549	9067	17874	13244	16915	16252	15663	17117	11141	12802
AT3G06850.1	BCE2, LTA1, DIN3 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	9.45E-01	1.03	80	1	1	5742	3453	4771	3518	2083	1294	4541	3331	986	2726	4552	4212
AT5G37680.1	ATARLA1A, ARLA1A - ADP-ribosylation factor-like A1A	9.45E-01	1.03	21	1	1	3882	3819	5962	8089	6516	7762	6942	7432	3949	4158	6213	6380
AT2G33040.1	ATP3 - gamma subunit of Mt ATP synthase	9.45E-01	1.02	457	4	4	133288	132123	200736	148709	187653	148479	164877	149264	197580	207824	126654	120220
AT5G47480.1	RGPR-related	9.45E-01	1.16	309	4	4	45491	41667	27802	27346	55099	51277	63071	73289	62127	56070	16996	16925
AT1G16710.1;AT1G16710.2	HAC12 - histone acetyltransferase of the CBP family 12	9.45E-01	1.02	20	1	1	3296	4045	5324	4016	3010	2053	3114	2788	1954	3091	6644	4615
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	9.48E-01	1.01	430	6	4	233429	215867	303822	235413	141581	154005	191494	175407	192569	190382	261900	257448
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	9.50E-01	1.07	415	7	7	62193	65847	45680	39315	133380	145052	88613	91577	85736	111718	33538	48748
AT1G76860.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	9.50E-01	1.18	38	1	1	960	1221	902	1155	3552	4112	2237	2374	4399	4261	468	311
AT1G01800.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.51E-01	1.01	113	2	2	6228	7732	5637	6492	13710	9598	8793	8431	9707	10063	5261	6495
AT4G14230.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	9.51E-01	1.08	55	1	1	1028	1812	1230	1314	4433	3621	2544	2364	2914	2228	1289	1075
AT4G00110.1	GAE3 - UDP-D-glucuronate 4-epimerase 3	9.51E-01	1.05	48	2	1	3098	4908	786	1620	1375	2236	1401	2665	951	1155	3305	3839
AT1G53500.1;AT1G78570.1;AT3G14790.1	MUM4, RHM2, ATRHM2, ATMUM4 - NAD-dependent epimerase/dehydratase family protein	9.53E-01	1.07	102	4	3	11589	13294	17347	14846	8586	14005	14175	13271	6832	7310	21022	22243
AT5G62390.1	ATBAG7, BAG7 - BCL-2-associated athanogene 7	9.55E-01	1.01	115	2	2	10871	12218	9718	5353	9908	7466	8857	8170	11639	8792	7142	10150
AT4G25450.1;AT4G25450.2	ATNAP8, NAP8 - non-intrinsic ABC protein 8	9.56E-01	1.03	251	4	3	9316	8592	22392	14051	11362	9521	14246	12940	9780	8501	14566	12940
AT1G02280.1	TOC33, ATTOC33, PPI1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 33	9.56E-01	1.05	149	4	3	6566	6909	12097	9662	5212	5616	7276	9303	3494	4080	13020	11313
AT2G41835.1	zinc finger (C2H2 type, AN1-like) family protein	9.56E-01	1.32	25	1	1	3658	3148	7572	7491	613	1456	3871	3597	2731	1133	3733	3121
AT3G18240.1;AT4G21460.1	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	9.56E-01	1.02	101	4	4	24047	24983	20888	20099	15213	14265	22475	22033	20893	20646	16100	15298
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	9.57E-01	1.02	531	6	6	300840	232807	231782	182449	174756	181473	162666	167112	224927	191816	302812	276849
AT5G13650.1	elongation factor family protein	9.57E-01	1.00	249	4	3	27917	31349	32265	37965	22914	32019	33527	28031	35392	27193	29715	30060
AT3G07630.1	ADT2 - arogenate dehydratase 2	9.60E-01	1.27	373	5	4	14507	14850	9691	10809	36294	33044	30586	28708	41533	40880	3729	5663
AT1G79990.1	structural molecules	9.60E-01	1.02	450	8	6	743009	785062	785800	708305	1145915	985223	919451	942324	799471	848745	754431	805319
AT3G25520.1;AT3G25520.2;AT5G39740.1	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	9.61E-01	1.17	390	8	8	103657	105704	46583	52563	75949	63606	52232	56208	179126	160420	37151	37520
AT5G09900.1;AT5G09900.2;AT5G64760.2	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	9.62E-01	1.01	411	10	2	14043	11584	14328	15603	28506	24358	17922	15617	23757	26505	12177	11087
AT5G19400.1	SMG7 - Telomerase activating protein Est1	9.63E-01	1.02	24	1	1	441	390	909	591	1073	1268	871	1062	936	810	602	321
AT5G08540.1	unknown protein	9.66E-01	1.17	291	4	4	128422	136839	118275	111758	146820	151216	135790	135751	250649	275909	70127	61767
AT5G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	9.66E-01	1.62	64	2	2	261	229	271	234	4934	4626	667	890	1829	2680	326	112
AT5G19370.1	rhodanese-like domain-containing protein / PPIC-type PPIASE domain-containing protein	9.66E-01	1.12	289	5	5	58702	60779	101538	82813	28435	27798	51457	50734	44801	46752	65307	62529
AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, putative	9.66E-01	1.01	899	13	13	241123	236848	359427	285715	355475	354688	304857	311198	299280	322805	288519	285782
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	9.66E-01	1.03	1048	18	16	3001328	2517665	1504218	1326857	3226924	2573538	2270973	2652998	2893642	2462140	1596890	1913432
AT1G65580.1	FRA3 - Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	9.66E-01	1.02	96	2	2	17146	15152	12550	13565	16902	16023	17595	18428	17805	17962	10187	10978
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	9.67E-01	1.00	367	6	6	64211	58854	47923	50158	96915	96471	86329	83120	74015	75678	47735	46205
AT1G62390.1	Phox2 - Octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein / tetratricopeptide repeat (TPR)-contain	9.68E-01	1.17	86	2	2	12258	6571	8407	6688	1756	2949	5786	6710	6247	3769	4786	5785
AT2G45960.1;AT2G45960.3	PIP1B, TMP-A, ATMH2, PIP1;2 - plasma membrane intrinsic protein 1B	9.68E-01	1.13	31	1	1	450	683	585	589	1961	1650	1372	1145	2511	1082	338	265
AT1G52400.1	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	9.68E-01	1.07	102	1	1	6522	6714	12952	10901	3648	3690	4863	5916	4693	3355	16394	12151
AT1G80230.1	Rubredoxin-like superfamily protein	9.69E-01	1.08	25	1	1	2945	2563	1835	2217	3854	3655	3577	3752	4253	4135	1565	1098
AT1G20920.1;AT1G20920.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.69E-01	1.00	53	1	1	5073	4681	3936	4486	5347	4392	4841	5304	4352	4572	3890	4882
AT4G33500.1	Protein phosphatase 2C family protein	9.69E-01	1.03	324	5	5	35096	30066	30706	28430	25288	31630	24374	27511	22822	24155	44744	43151
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	9.69E-01	1.00	49	2	2	7145	6546	11600	9392	10725	10122	9115	8939	6633	8452	12603	9902
AT2G03390.1;AT2G03390.2	uvrB/uvrC motif-containing protein	9.72E-01	1.01	480	7	7	119969	109314	121728	108691	101018	108878	92073	92928	107366	113848	128374	139852
AT2G31865.1	PARG2 - poly(ADP-ribose) glycohydrolase 2	9.72E-01	4.23	41	1	1	66	61	142	97	4085	4193	368	274	360	571	210	261
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	9.72E-01	1.21	105	1	1	3725	5279	2477	2576	3504	4317	3720	4468	1019	2058	7828	7481
AT1G53430.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	9.73E-01	1.23	153	2	2	11760	12633	14550	11147	21458	19966	20884	22866	26876	31171	5201	5339
AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protein	9.73E-01	1.00	63	1	1	23532	23399	50998	35793	30452	30077	24233	25941	25238	27039	48790	42446
AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.74E-01	1.01	94	2	2	4079	4290	5040	5411	14287	14880	5256	4786	15639	14350	3667	4559
AT4G25240.1	SKS1 - SKU5 similar 1	9.74E-01	1.11	27	1	1	66367	65256	99349	83371	23452	26620	43502	43681	47644	53781	72003	67355
AT4G18480.1;AT5G45930.1	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHLI-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.74E-01	1.01	249	4	4	20869	23401	37752	28444	17110	18855	25610	25824	31288	30987	16840	15140
AT5G55210.1	unknown protein	9.75E-01	1.02	235	3	3	30003	31047	19879	18443	30005	29814	29590	26879	37489	33816	16704	17565
AT3G57330.1	ACA11 - autoinhibited Ca2+-ATPase 11	9.76E-01	1.07	121	2	1	4262	4779	11887	7720	11544	8440	9698	8554	6283	8469	6194	6429
AT5G57035.1	U-box domain-containing protein kinase family protein	9.77E-01	1.15	24	1	1	2196	2781	801	1649	4294	4728	2825	4418	5978	4208	768	738
AT5G19350.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.79E-01	1.02	88	1	1	22392	21712	31587	22311	16278	13658	17836	19662	14717	13511	32531	32513
AT1G61190.1	LRR and NB-ARC domains-containing disease resistance protein	9.79E-01	1.01	23	1	1	4556	6099	4517	9051	12106	12546	4659	6849	5006	6586	13951	11270
AT5G19320.1	RANGAP2 - RAN GTPase activating protein 2	9.80E-01	1.01	64	1	1	5833	6058	4500	4208	3145	3017	3764	4242	4548	6465	3847	3595
AT1G47550.2;AT1G47560.1	SEC3A - exocyst complex component sec3A	9.82E-01	1.04	38	1	1	1783	2948	4677	3830	2615	2691	2634	2927	2598	3934	3145	2620
AT4G02620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	9.83E-01	1.00	237	3	2	98942	102255	120949	80386	132461	88560	93105	95567	81423	105505	132359	115601
AT4G32820.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.83E-01	1.01	25	1	1	1200	659	1147	1070	1628	725	954	989	570	1731	888	1351
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	9.84E-01	1.04	101	2	2	5333	5507	9967	8786	12288	10286	8801	7822	7146	6418	10631	9491
AT1G36160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	9.85E-01	1.00	655	13	9	148708	133943	194420	165162	127539	121293	124329	114837	155370	186040	160813	147302
AT1G22920.1;AT1G22920.2;AT1G71230.1	CSN5A, JAB1, AJH1 - COP9 signalosome 5A	9.86E-01	1.01	321	6	6	61794	61457	78597	72828	63768	65661	51707	60592	65623	64214	81604	83715
AT5G56865.1	unknown protein	9.86E-01	1.08	21	1	1	5175	4350	11625	11073	6869	7285	4799	4473	15294	14888	5695	5055
AT4G14800.1;AT3G22630.1	PBD2 - 20S proteasome beta subunit D2	9.88E-01	1.01	92	2	2	22511	24559	18304	20172	32350	33359	32105	29133	23083	24987	21059	19159
AT1G24560.1	unknown protein	9.88E-01	1.73	25	1	1	155	212	62	72	2518	3733	2137	2079	3630	3750	53	0
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	9.88E-01	1.08	160	1	1	79859	72942	91536	62939	65811	67278	63351	58972	51020	49264	124308	129526
AT1G25490.1	RCN1, REGA, ATB BETA BETA, EER1 - ARM repeat superfamily protein	9.88E-01	1.13	383	8	6	474882	958205	73850	242753	823599	411423	612839	95056	630062	367438	417916	512123
AT5G41180.1	leucine-rich repeat transmembrane protein kinase family protein	9.89E-01	1.10	24	1	1	4823	6238	1305	1224	1202	2130	4111	4199	483	671	4462	4726
AT2G44610.1	RAB6, ATRABH1B, ATRAB6A, RAB6A - Ras-related small GTP-binding family protein	9.89E-01	1.06	157	2	2	17551	19555	37799	33969	23216	24819	19438	19572	39444	50637	19364	17578
ATCG00380.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	9.90E-01	1.05	323	4	4	93246	85543	118448	96978	98171	95188	76142	74288	68079	97946	153194	149999
AT3G17880.1;AT3G17880.2	HIP, ATTDX, ATHIP2, TDX - tetraticopeptide domain-containing thioredoxin	9.90E-01	1.01	356	5	4	375226	390207	282023	267018	261597	236501	343125	348838	314573	299125	249824	240542
AT3G44713.1	unknown protein	9.91E-01	1.02	24	1	1	4940	5156	8099	6219	9561	9063	5995	5903	6513	7238	8013	8395
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	9.91E-01	1.03	718	14	13	1089600	1006098	1165876	936169	1312838	1061027	1160264	1206950	1539792	1410055	747226	726878
AT5G54870.1	unknown protein	9.93E-01	1.10	63	1	1	4663	4192	9050	6829	2546	2559	5479	4120	4061	5045	3558	4841
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	9.93E-01	1.12	124	3	3	8638	5612	3240	3978	5004	3115	4925	7980	11423	4359	2456	2061
AT1G74850.1	PTAC2 - plastid transcriptionally active 2	9.93E-01	2.44	48	2	1	53	29	133	0	1885	2671	722	661	204	338	29	0
AT3G05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	9.93E-01	1.03	194	3	3	33068	35943	42128	33992	16690	19852	28635	20519	25001	29204	38446	33890
AT4G29800.1	PLP8, PLA IVD - PATATIN-like protein 8	9.98E-01	1.25	29	1	1	10376	8945	2212	4544	1876	2156	4416	4802	3062	3850	3218	4667
AT5G47690.2;AT5G47690.1	binding	9.98E-01	1.06	109	2	2	1372	1184	1202	1100	9656	8509	4192	4790	5679	5935	758	347
AT5G10730.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.98E-01	1.07	31	1	1	1666	1307	1673	1701	1286	1091	1592	1518	1132	662	2427	1985
AT2G27710.1;AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein family	9.99E-01	1.09	1096	12	8	1691164	1817854	1556836	1326630	1566190	1563412	1766207	1749314	2622647	2433238	885525	891628
AT5G03470.1	ATB' ALPHA - Protein phosphatase 2A regulatory B subunit family protein	1.00E+00	1.21	67	1	1	591	369	2502	340	320	1561	840	571	296	388	1315	1282

Tabelle B14-a

4h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6.33E-08	19.40	124	8	4	3	3		891408	824466	505191	408155	414299	368158	27629	33477	48706	26582	19546	19899
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	1.19E-06	98.47	63	3	1	2	2		126234	100095	80675	62612	40550	41523	154	158	1401	1782	321	771
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	1.83E-06	2.82	37	0	1	1	1		33224	42396	34137	34130	35317	32214	14546	14130	13228	15184	8776	9169
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.49E-06	2.65	336	19	11	9	9		1334273	1455201	1281354	1067306	812986	921258	485196	381511	408465	429755	501722	383138
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	1.22E-05	2.11	25	3	1	1	1		178607	163730	205792	158770	139516	141673	67683	71396	71745	64419	93306	99239
AT1G80840.1	WRKY40, ATWRKY40 - WRKY DNA-binding protein 40	2.55E-05	29.78	34	4	1	1	1		16200	1615	16429	6830	4261	6573	417	573	265	87	244	157
AT5G01820.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.57E-05	2.20	130	2	0	2	2		293347	247661	228743	166498	167223	190085	112234	99214	101917	99805	77912	96853
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	4.74E-05	2.80	102	16	3	3	2		140643	119861	84834	69973	76554	56992	33047	31375	26869	35326	33765	35474
AT4G18130.1	PHYE - phytochrome E	7.11E-05	5.44	23	4	4	1	1		30654	71581	38538	48932	15209	28480	7378	5691	11190	8377	5596	4694
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	9.31E-05	2.31	145	3	3	3	3	AT2G25430.1	171860	157680	210572	142131	156087	157425	89776	98041	71344	74709	54770	42703
AT2G38470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	1.56E-04	4.64	161	5	0	3	3		111059	89406	60740	46435	34941	43738	7968	25051	11050	16481	15167	7589
AT5G51120.1	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	2.07E-04	2.27	38	0	1	1	1	AT5G51120.2	103373	138450	97747	88625	58364	73132	35560	46624	50546	41510	31379	40489
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	2.20E-04	2.29	61	2	2	2	2		828711	763423	635281	501774	376834	456910	238078	295910	319681	245992	200976	253960
AT5G57870.1	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	3.18E-04	2.62	166	3	1	1	1		270448	203884	120522	111918	198499	199409	60930	71059	60356	75422	48560	105803
AT1G13960.1	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	5.56E-04	3.07	128	6	1	2	2	AT2G03340.1	146291	144173	72033	79567	45162	53804	29407	32206	26955	32233	23669	31576
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	5.68E-04	2.55	85	2	7	3	3		14665452	12020772	9288069	8552707	5240879	5895515	4850919	3957357	3637445	3222802	3232087	2885676
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	7.79E-04	2.19	82	3	4	2	2		703592	775462	534270	422805	337537	431494	244074	241166	314402	292850	197242	173058
AT3G56410.1	Protein of unknown function (DUF3133)	1.12E-03	2.00	73	17	3	1	1		68041	72634	48176	57947	76120	115121	31342	54119	36055	35002	33881	28214
AT5G18230.1	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	1.14E-03	2.40	44	9	7	1	1		22589	21321	20060	24591	9679	17330	7417	7375	12690	9995	5293	5418
AT1G79280.1	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	1.17E-03	2.25	330	10	3	6	4		1564765	2161188	1308221	1476924	833136	858656	458987	702763	650054	776144	487331	566911
AT2G32240.1	unknown protein	1.53E-03	2.20	145	1	1	2	2		124580	147229	62977	82707	58657	74554	43002	38682	49230	38771	29106	51109
AT4G38710.1	glycine-rich protein	1.63E-03	2.92	83	3	0	3	3		311503	202622	199211	91870	85145	110704	72879	69938	53785	42979	53133	50044
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	1.82E-03	23.72	91	3	1	1	1		66994	50788	35107	16151	8466	12683	0	0	0	0	1370	6648
AT4G39680.1	SAP domain-containing protein	1.91E-03	2.35	116	3	7	1	1		60227	89141	57127	57091	37122	35692	25108	29139	28258	27152	22305	11002
AT2G34357.1	ARM repeat superfamily protein	2.13E-03	2.19	45	4	3	2	2		116484	150084	125138	94545	66501	67727	43899	73666	34949	51925	29133	50080
AT4G01400.1	unknown protein	2.29E-03	2.01	93	6	4	1	1		35865	19065	20723	27019	41301	39547	16631	19814	13719	16979	10215	14134
AT1G29400.1	AML5, ML5 - MEI2-like protein 5	2.44E-03	2.11	46	10	2	2	1		64436	78686	62575	29522	36497	35765	22690	21429	25677	20959	28975	25957
AT5G52530.1	dentin sialophosphoprotein-related	2.64E-03	2.05	22	12	0	1	1		38334	38099	21132	27963	18274	21262	16191	14287	19490	11791	8717	9873
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.23E-03	2.51	57	7	7	1	1		216027	181889	151329	127909	84674	73424	60169	50229	65932	46262	26820	83677
AT2G22125.1	CSI1 - binding	3.42E-03	2.21	74	7	2	1	1		10124	5708	12420	10119	20766	13057	3623	6304	4918	6213	5465	6210
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	3.81E-03	3.13	69	0	2	1	1		27384	50101	36519	21309	10217	13117	6923	8938	5611	13968	7249	7992
AT5G46210.1	CUL4, ATCUL4 - cullin4	4.43E-03	2.16	28	2	1	1	1		3757	4155	5509	7526	4644	8296	2591	4097	2519	3502	1349	1633
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	4.70E-03	2.08	32	8	2	1	1		143221	187037	79186	120468	106736	116349	35991	83693	98194	66802	39709	38162
AT4G01800.1	AGY1, AtcpSecA, SEC41 - Albino or Glassy Yellow 1	4.83E-03	33.39	30	3	4	1	1		584	272	585	2503	4057	19586	15	0	0	581	230	0
AT5G62490.1	ATHVA22B, HVA22B - HVA22 homologue B	5.11E-03	2.99	22	1	1	1	1		1382538	1250431	680846	659865	485795	402584	329656	238012	275251	536387	98037	148454
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	5.54E-03	2.18	124	2	0	2	2	AT2G41430.3	1949289	2052345	1414738	1035302	730064	687429	621479	630227	594374	545655	654311	561776
AT1G32900.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	5.72E-03	2.67	39	1	1	1	1		109213	93125	35309	29958	47646	99803	31496	28950	29577	20349	26843	18024
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	7.92E-03	2.26	216	16	9	4	4		383364	416488	267008	257378	157704	144352	148652	129338	145365	159036	64817	71652
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	8.46E-03	2.54	38	1	3	1	1		143719	181967	88489	87523	53705	41236	54887	34991	25359	34670	38386	46962
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	9.04E-03	5.50	49	6	5	1	1		16526	33221	10490	7425	78005	55288	10923	4584	4522	4531	1554	10423
AT5G67240.1	SDN3 - small RNA degrading nuclease 3	9.15E-03	2.02	23	5	2	1	1		53579	27696	81537	40298	50844	71653	38376	33049	16444	33319	20860	19401
AT4G03120.1	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	9.36E-03	2.78	106	2	0	1	1		55669	80796	82553	35089	29461	24201	27721	14554	15838	27891	5718	19011
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	1.02E-02	2.03	71	0	0	1	1		285117	195353	149485	111909	85948	97728	94336	86740	79037	71898	63793	61033
AT1G20970.1	unknown protein	1.10E-02	Infinity	53	2	4	1	1		1557	1866	0	16347	0	3245	0	0	0	0	0	0
AT5G46630.1	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	1.22E-02	2.07	40	2	0	1	1	AT5G46630.2	10215	9331	17364	18575	25312	19203	13463	5216	7762	6404	3938	11464
AT2G35920.1	RNA helicase family protein	1.26E-02	3.01	23	3	2	1	1		56040	49140	45562	40373	10689	23559	14446	23111	11929	4745	4545	16031
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	1.32E-02	2.30	80	4	1	1	1		23745	56975	61303	45055	32722	47249	20891	32982	26149	14774	4898	16595
AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated family protein	1.35E-02	2.38	20	5	1	1	1		201333	209306	88094	87154	49550	71168	49414	58686	55792	36507	52295	43700
AT4G14160.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.56E-02	3.77	80	2	0	1	1		36550	76395	8840	11015	13873	13857	5314	6622	9686	7815	5351	7839
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	1.71E-02	2.06	27	2	0	1	1		576667	710382	257691	453638	333611	818676	301030	515568	167076	167412	183012	198057
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	1.82E-02	2.17	27	3	2	1	1		525448	441309	184721	231999	221543	124446	151130	134309	132461	162063	88516	127890
AT1G76580.1	Squamosa promoter-binding protein-like (SBP domain) transcription factor family protein	2.18E-02	70.15	23	12	4	1	1		62095	80261	633	223	1859	1464	26	980	56	5	197	825
AT5G62790.1	DXR, PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	2.22E-02	2.32	29	2	0	1	1		17826	13914	13781	21970	13299	47541	5547	10623	17245	2914	10464	8413
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	2.38E-02	2.04	139	1	3	1	1	AT5G49460.1	90027	77577	40458	44138	83497	78716	40957	34716	39665	45940	8437	33641
AT1G29310.1	SecY protein transport family protein	2.44E-02	2.18	61	1	1	1	1		4332	2791	9932	7297	11410	9195	6549	4239	2285	3025	2344	2163
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	2.64E-02	181.94	25	1	0	1	1		10488	26127	2355	77	785	0	0	106	0	113	0	0
AT5G40450.1	unknown protein	3.07E-02	369.72	89	14	8	1	1		129	59367	0	57	80	182	0	0	0	0	162	0
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	3.10E-02	86.47	53	0	1	1	1		2701	68925	192	990	540	418	127	393	118	59	0	155
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	3.24E-02	2.05	20	7	4	1	1		43984	51539	24093	37292	25680	11265	8656	17962	24005	15395	15255	13283
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	3.50E-02	4.39	72	8	4	1	1		330981	448163	80345	79769	37648	46090	44914	24306	33388	43724	57799	28689
ATCG00350.1	PSAA - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	3.56E-02	2.64	25	1	1	1	1		6902	15758	18546	16204	41206	50373	13376	9503	4848	16192	5350	7093
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	3.62E-02	2.20	35	7	8	5	5		38964	56310	46411	67450	12749	23855	13031	40514	15250	17380	12895	12558
AT5G63190.1	MA3 domain-containing protein	3.97E-02	2.33	74	4	0	1	1		255467	230948	108039	82230	66825	50141	81448	55735	67238	47676	47962	40866
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	4.15E-02	2.10	62	6	6	1	1		31845	48231	51737	36368	116471	113700	31861	49550	31578	40780	14406	21877
AT5G64160.1	unknown protein	4.65E-02	2.37	43	0	0	1	1		19932	16931	9136	8110	4760	3571	7883	1957	4747	4672	2475	4574
AT2G37270.1	ATRPS5B, RPS5B - ribosomal protein SB	4.71E-02	2.12	32	1	0	1	1		67511	136922	57715	69491	31927	24461	47485	35133	18367	22589	27998	31069
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	4.83E-02	2.56	37	3	2	1	1		24176	15266	13428	10575	23894	26950	13031	8293	8089	8696	344	6147
AT1G15750.1	WSP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	4.83E-02	47.31	36	7	3	1	1	AT3G16830.1	29	808	0	55	3760	61928	0	0	0	0	1407	0
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	4.95E-02	Infinity	24	0	2	1	1		0	0	0	6588	9050	13531	0	0	0	0	0	0
AT4G16680.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.95E-02	3.75	28	1	2	1	1		39260	26870	16568	14178	3990	2898	4519	4578	4582	6810	3888	3301
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	5.13E-02	2.02	89	8	2	3	3		388417	461004	231082	185688	97311	141110	174579	122931	110856	131982	128944	73972

Tabelle B14-b

4h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G52400.1	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	3.47E-07	0.41	114	4	1	3	3	AT1G52400.2	92426	96221	101136	84741	121908	117971	254951	289407	233441	204531	246641	269462
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	7.90E-05	0.31	22	2	0	1	1		22813	46583	26840	34317	32880	21318	133162	116944	60831	70309	132411	84170
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	2.58E-04	0.41	45	3	1	1	1		13481	17092	12063	10863	10000	9635	22358	21119	28733	22338	46160	36686
AT5G20720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	2.82E-04	0.43	65	1	1	1	1		70789	105901	78605	92666	79942	80277	167966	128179	311732	176109	257705	150965
AT1G13930.1	Involved in response to salt stress. Knockout mutants are hypersensitive to salt stress.	1.34E-03	0.42	43	0	1	1	1		33239	17412	31200	22043	25723	26189	93201	41784	51459	51674	98093	38899
AT1G61520.1	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	1.44E-03	0.42	28	0	1	1	1		6164	9002	10937	7095	10658	14827	13847	26553	30238	24949	30126	14093
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	2.28E-03	0.48	44	2	2	1	1		19816	21424	12289	14048	29956	30870	29788	39511	41469	40041	54540	62737
AT5G65720.1	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	2.38E-03	0.44	22	2	1	1	1		13089	5234	24333	15785	13404	10198	35908	24292	34366	23459	36831	31235
AT5G26000.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	2.84E-03	0.43	31	1	2	1	1		13101	8152	9091	8409	6944	21430	21361	20965	16582	20768	36448	39109
AT1G13440.1	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase C2	2.99E-03	0.42	52	0	0	2	2	AT1G13440.2	19320	33595	37139	39496	55164	20036	42125	55092	47001	51411	96100	97925
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	3.90E-03	0.47	42	1	0	1	1		33483	19627	47957	23765	62239	44685	58613	81583	73285	72405	133079	72181
AT4G29060.1	emb2726 - elongation factor Ts family protein	5.03E-03	0.44	52	4	6	1	1		58269	125533	70268	108754	81755	86051	241494	111633	167120	198335	361642	119895
AT5G60940.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	5.08E-03	0.48	58	0	0	2	1		48139	139229	92553	124350	88994	134488	284163	262280	177174	207031	376127	209956
AT3G02090.1	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	5.42E-03	0.18	36	4	1	1	1		142	4813	3356	1552	205	1345	4927	7969	5692	9415	18382	17664
AT1G20630.1	CAT1 - catalase 1	5.90E-03	0.29	25	2	2	1	1		3238	5590	2665	1763	590	775	6705	3761	7305	5826	14681	12285
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	6.94E-03	0.48	30	1	1	1	1		17769	33487	25569	30581	27491	27413	27970	37504	66044	46795	91579	65058
AT5G54770.1	THI1, TZ, TH14 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (TH14)	7.60E-03	0.38	120	2	0	2	2		28443	30414	4747	6757	17995	14158	26045	31657	48767	43378	56348	63292
AT1G59870.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	7.76E-03	0.41	41	3	2	1	1		2792	2532	12524	3696	2138	1721	7607	6943	10153	6650	14954	14928
AT2G21330.1	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	1.18E-02	0.43	66	2	2	2	2	AT4G38970.1	13480	29987	9082	22228	14273	18681	17607	45580	59170	54737	47534	23475
AT5G50100.1	Putative thiol-disulphide oxidoreductase DCC	1.19E-02	0.38	99	1	1	1	1		8320	11983	27548	24599	29375	2145	44472	51895	54846	46918	35399	43268
AT5G15450.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	1.20E-02	0.39	71	1	0	2	2		11126	4480	22854	41490	19584	25782	30263	40471	47046	46855	90965	65909
AT5G20010.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	1.20E-02	0.47	33	0	1	1	1		158302	161614	210795	202242	181032	172748	296270	168288	310651	378306	815502	361226
AT1G13020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	1.38E-02	0.08	53	1	1	1	1		0	5838	3199	0	1486	1	40468	4301	4144	39835	25914	13125
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	1.41E-02	0.18	29	2	0	1	1		2353	0	0	495	292	0	6342	1397	1552	2312	3452	2637
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	1.50E-02	0.28	38	2	1	1	1		26000	22081	5783	23416	22856	17741	102512	24133	28073	49695	164939	45461
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	1.63E-02	0.35	20	3	1	1	1		23409	10322	12931	10438	43108	40542	68010	49109	25687	31957	122234	109613
AT3G09840.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	1.79E-02	0.43	89	3	1	1	1		2026	23099	8367	19814	9244	8367	32085	20926	15381	32482	31973	33564
AT1G29930.1	ELIP1, CHLOROPHYLL A/B BINDING PROTEIN 1	1.80E-02	0.18	133	0	0	2	2	AT2G39730.2	99246	104723	46734	66773	184466	179774	242009	119405	132026	404070	1174584	1366299
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	1.88E-02	0.38	57	0	1	1	1		270231	1041324	290919	664343	484356	499364	2507175	763447	839526	1449608	2433898	576229
AT5G56950.1	NFA03, NFA3, NAP1;3 - nucleosome assembly protein 1;3	1.93E-02	0.40	94	0	1	1	1		16316	7113	46120	25931	3498	2073	49160	38107	52588	44095	23667	43863
AT3G48060.1	BAH domain ;TFIIS helical bundle-like domain	2.03E-02	0.18	30	15	5	1	1		15	1475	4561	1290	19	0	5527	2526	12495	9216	9045	3109
AT4G18480.1	CHLI1, CH42, CH-42, CHL11, CHLI-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.16E-02	0.48	24	3	1	1	1	ATSG45930.1	4204	1260	8864	11081	4580	4266	9920	7159	12694	17912	12212	11996
AT3G16950.1	LPD1, ptlpd1 - lipoamide dehydrogenase 1	2.21E-02	0.39	31	0	2	1	1	AT4G16155.1	8838	12144	21137	25385	13575	2374	25996	21312	19431	33425	52447	59202
AT3G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.34E-02	0.46	26	0	2	1	1		43974	57199	62449	91764	156728	202171	231212	139323	168402	138239	462965	183204
AT3G53900.1	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	2.34E-02	0.45	48	1	1	1	1		5610	3220	1686	6382	20333	29834	29303	22865	25050	33209	23921	14153
AT1G03475.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-I - Coproporphyrinogen III oxidase	2.47E-02	0.49	39	2	2	1	1		11627	8856	25990	17668	14241	9707	54510	21684	13218	25535	25336	38854
AT3G47810.1	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	2.48E-02	0.45	63	0	0	1	1		2049	1347	5837	13366	7023	5106	17390	9485	8930	20991	8680	11080
AT2G26570.1	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	2.50E-02	0.43	74	8	1	1	1		25270	22340	7986	9868	7839	3026	40733	18576	18235	47456	35707	16222
AT3G09260.1	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LEB - Glycosyl hydrolase superfamily protein	2.61E-02	0.46	40	2	2	1	1		10994	7731	40282	37096	52500	38739	67159	85609	47915	36031	101023	73080
AT3G52300.1	ATPQ - ATP synthase D chain, mitochondrial	2.65E-02	0.50	80	0	1	1	1		10533	7843	38506	25781	21193	22011	44603	24951	56662	32817	67002	26640
AT5G14740.1	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	2.65E-02	0.29	85	2	0	1	1		15113	70644	48731	55910	58162	139959	356385	99325	76660	150342	567550	99724
AT1G20620.1	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	2.66E-02	0.38	21	1	3	1	1		14717	13969	12193	10727	24574	35279	26714	44523	16766	28102	76902	98898
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	2.67E-02	0.24	32	3	1	1	1		5871	6944	8518	12389	10271	22228	17857	14713	22688	13550	99921	108214
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	2.70E-02	0.35	52	1	2	1	1		4533	6272	11380	11763	12549	778	27639	12133	12393	19193	44349	17945
AT5G51300.1	splicing factor-related	3.02E-02	0.44	35	4	4	1	1		0	44	23265	31185	310	0	21666	17603	34926	28098	10843	10841
AT3G55760.1	unknown protein	3.13E-02	0.50	98	0	4	1	1		12922	38437	29559	61483	68407	30568	112906	47313	57419	97030	123541	48903
AT1G66200.1	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	3.18E-02	0.46	59	0	1	1	1		1427	3946	17816	13320	12724	11173	14039	28978	16169	25819	19810	27506
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	3.19E-02	0.46	93	1	0	1	1		4074	16689	62055	26340	46489	32315	58171	59743	48073	80954	100432	57510
AT5G46700.1	TET1, TRN2 - Tetraspanin family protein	3.20E-02	0.25	20	1	0	1	1		9749	3459	7795	5706	4195	4419	30909	16388	3843	6966	26170	59814
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	3.25E-02	0.45	51	3	2	1	1		10561	44603	35649	85310	208125	144813	138427	154610	130136	234639	295427	211655
AT5G19990.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	3.47E-02	0.46	45	0	1	1	1	ATSG20000.1	2836	3017	8621	20529	19551	23179	19602	32945	27380	17529	48251	22828
AT1G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	3.66E-02	0.36	40	3	2	1	1		12513	23442	11046	20830	3396	4972	29222	49371	60690	37147	27495	7279
AT4G20360.1	ATRABD, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	3.71E-02	0.41	35	3	1	1	1		9598	5492	19570	34909	70289	20268	47523	36799	32751	37637	116837	116389
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	3.77E-02	0.44	80	3	2	1	1		20400	64258	86128	203663	152043	177603	359940	152417	200167	254522	494784	147575
AT3G44310.1	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	3.87E-02	0.39	98	2	3	1	1		4698	2900	10313	78318	99385	81992	86465	81312	54249	166249	222370	108535
AT3G28700.1	Protein of unknown function (DUF185)	3.88E-02	0.48	63	7	6	1	1		8636	4658	5981	8953	19615	5404	7467	30127	18509	9102	22817	22378
AT5G14040.1	ATCHX18, ATCHX18, CHX18 - antiport 8	3.98E-02	0.23	24	0	0	1	1		840	1693	11700	5643	0	0	11099	7923	11482	10857	14964	11226
AT1G11720.1	ATSS3, SS3 - starch synthase 3	3.98E-02	0.14	58	1	0	1	1	AT1G11720.2	0	1564	0	3010	1235	2838	18351	2691	7619	20603	5917	8381
AT2G40290.1	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	4.06E-02	0.48	33	0	2	1	1		0	0	743	6153	317	0	819	413	2464	6938	2935	1464
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	4.19E-02	0.49	52	0	0	1	1		1987	16049	16559	53720	18048	9914	49255	24811	35474	30895	52415	42681
AT3G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	4.26E-02	0.14	24	4	3	1	1		0	0	0	2845	2900	0	227	626	56	718	8060	30740
AT5G54190.1	PORA - protochlorophyllide oxidoreductase A	4.30E-02	0.40	85	0	1	1	1		13253	42448	46642	62511	74707	104775	209102	72367	73494	106298	324654	75822
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	4.37E-02	0.44	46	2	0	1	1		30832	40916	83948	71114	88340	107987	158687	125881	68777	65152	285021	248416
AT1G67090.1	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	4.39E-02	0.34	63	2	0	1	1		36815	67225	77533	110959	113127	124964	70253	100602	180068	181037	505088	519811
AT4G16360.1	S'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	4.44E-02	0.21	25	6	0	1	1		0	0	7198	3238	2527	802	9944	7232	10522	5957	13032	19999
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	4.46E-02	0.43	38	0	0	1	1		5289	14086	9534	22245	19500	3933	44578	13438	14908	36922	47267	14466
AT4G14960.1	TUA6 - Tubulin/PtsZ family protein	4.52E-02	0.48	24	1	0	1	1		96860	230744	200132	298133	455673	435758	1049842	384751	397547	476336	964580	286458
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	4.62E-02	0.27	25	1	0	1	1		30747	46158	28187	21470	49598	37008	61691	52622	48338	33167	343960	237551
AT5G59750.1	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	4.77E-02	0.27	27	3	2	1	1		2384	35	5023	1250	3018	3050	3847	2996	9516	11187	16223	11518
AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	4.78E-02	0.39	47	0	3	1	1	AT4G38510.1	61492	80675	100687	122015	118807	180945	98215	152967	224285	128277	624351	493685
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	4.88E-02	0.06	26	4	3	1	1		0	0	0	704	0	2334	0	1677	16583	23976	4531	2491
AT5G57800.1	FLP1, YRE, CER3, WAX2 - Fatty acid hydroxylase superfamily	4.93E-02	0.11	25	2	2	1	1		0	0	2551	530	0	0	8497	0	4633	4561	7346	1803
AT5G64300.1	ATGCH, GCH, ATRIBA1, RFD1 - GTP cyclohydrolase II	4.96E-02	0.46	31	1	3	1	1		0	0	11170	9594	15088	0	15033	15495	4153	14704	13285	15339

Tabelle B14-c

Summe aller Proteine aus den Phosphoproteinanreicherungen von Col-0 DD und KR nach 4h DEX

						Normalized abundance DD						KR							
Proteincode	**Proteinbeschreibung**	**Anova (p)**	**Max f change**	**Conf score**	**Peptide count**	**Peptides used for quant**	**Replikat 1**	**Replikat 2**	**Replikat 3**	**Replikat 4**	**Replikat 5**	**Replikat 6**	**Replikat 7**	**Replikat 8**	**Replikat 9**	**Replikat 10**	**Replikat 11**	**Replikat 1**	**Replikat 2**	**Replikat 3**	**Replikat 4**	**Replikat 5**	**Replikat 6**	**Replikat 7**	**Replikat 8**	**Replikat 9**	**Replikat 10**	**Replikat 11**
AT1G28280.2;AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6.66E-16	22.34	129	2	2	290597	286967	163665	217391	160212	104576	143580	257956	183968	142955	145956	7148	10514	7022	9753	16359	7660	8915	6695	8315	5568	5959
AT5G41960.1;AT5G43960.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	9.53E-10	1.92	156	4	4	162554	177442	202833	262100	155013	182533	147063	169588	212867	189963	172096	88959	81391	78565	91184	98291	104091	107026	97175	94806	103439	115181
AT2G41430.1;AT2G41430.3	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	2.87E-08	2.38	122	3	3	810923	860633	735893	793647	524698	451699	397328	878138	662819	527710	391288	258210	267981	284503	254421	287249	264749	247645	288442	266048	278304	252076
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	5.09E-08	2.32	498	11	11	458426	479015	405275	526892	344129	346689	253074	490465	379780	308052	194438	172612	180986	171240	175371	147324	159756	183673	148289	167850	141420	157813
AT1G19601.1	WRKY44 - WRKY DNA-binding protein 4	7.05E-08	3.91	82	1	1	43525	35171	31795	31849	27125	14466	13311	33472	21859	23460	12839	7133	6405	5619	6373	2643	6553	7025	7882	8931	6942	8361
AT5G51120.1;AT5G51120.2;AT5G51120.3	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	5.40E-07	3.02	155	3	3	286117	242601	173403	269591	207440	121467	128127	277174	191755	166424	82705	55370	61872	88468	105542	75538	67709	67067	41406	61709	43101	42264
AT3G18580.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	3.81E-06	1.77	27	1	1	78984	86364	46083	67080	63003	51918	41745	62555	65295	49694	46024	36925	34833	43139	46219	30409	30902	25962	31345	29344	35298	27911
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4 family	3.81E-06	1.64	1101	23	23	2604739	2773960	2214648	2674718	1988414	1668175	1435596	2891680	2304733	2228956	1733263	1290888	1324100	1477132	1464448	1169703	1261959	1294366	1475467	1676640	1270756	1300221
AT2G32240.1	unknown protein	4.53E-06	1.64	269	7	6	82586	86466	79198	95603	73441	54603	56842	93139	68111	75229	57559	49357	42593	49403	44399	48961	43359	32795	64089	47368	42236	37973
AT5G66130.1	ATRAD17, RAD17 - RADIATION SENSITIVE 17	5.97E-06	1.76	14	1	1	29490	29813	38918	34550	31025	20047	19840	23952	24339	24686	19527	18006	15106	17660	12413	12824	18473	15606	12230	11551	20526	13758
AT5G20570.3	ROC1, RBX1, HRT1, ATRBX1 - RING-box 1	1.11E-05	1.40	30	1	1	75433	83380	72523	105086	66068	69663	78382	82192	81546	76040	80853	71333	70054	53397	52736	46941	50673	47805	55937	68355	49380	54530
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	2.05E-05	1.49	704	16	14	2215609	2079942	2050471	2714956	1697489	2070170	1862139	1858520	1657806	1477792	1559401	1403589	1214973	1450653	1442084	1441153	1577871	1290660	984677	1280955	1005875	1119116
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.10E-05	1.59	1911	36	33	8436560	8635140	7537131	8900075	6359323	6548642	4955735	7047105	5801114	5808742	3948308	4739866	4507955	4429680	4512772	4181041	4630108	4404845	4171594	3583846	4202167	3104723
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	5.81E-05	1.96	112	4	4	195775	258045	151223	280876	200123	144016	113139	282743	264286	193038	115890	113470	102211	115826	140440	64859	80918	74821	117612	133225	76722	102604
AT1G14650.1;AT1G14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	6.17E-05	1.32	616	14	14	1492930	1608642	1524474	1952106	1314949	1314942	1217408	1707661	1513993	1367971	1247019	1044010	1288496	1051795	1049815	1133949	1209706	1035523	1283004	1117832	1202842	897575
AT4G12780.1	Chaperone Dnaj-domain superfamily protein	7.16E-05	3.36	404	7	1	49356	50876	40089	57509	18659	17438	19473	61670	29655	54887	20278	8126	3256	3020	4605	7009	8053	12828	21436	32561	11933	12204
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	8.37E-05	1.82	131	3	2	32563	32541	33527	50897	36132	36688	23472	65769	54749	45705	32321	16954	17897	21334	30759	13775	16351	22924	28806	28750	20359	26298
AT4G29130.1;AT1G47840.1	ATHKT1, GINS, HKR1 - hexokinase 1	1.09E-04	1.33	246	6	3	84769	95449	90661	102959	79541	96488	81286	87371	81385	74553	107936	62763	65165	55612	49463	71602	81020	69424	63303	70364	60861	73015
AT5G06530.3;AT5G06530.1	ABC-2 type transporter family protein	1.25E-04	1.35	33	1	1	50781	54697	51902	59214	51567	44570	41435	74357	53034	43720	48481	41492	33734	37799	40665	52613	37644	36110	38640	34342	36674	33656
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	1.30E-04	71.62	38	1	1	47	190	2892	5447	921	351	713	22037	21513	13372	9400	121	0	7	132	340	1	0	24	227	0	0	220
AT1G07110.1;AT3G30200.1	F2KP_ATF2KP_F6P3P - fructose-2,6-bisphosphatase	1.60E-04	1.23	1313	24	24	2679792	2814607	2254765	3064757	2348006	2874505	2421390	3073339	3153637	2631237	2642489	1960705	2146445	2109937	2272862	1852018	2236654	2249663	2525247	2484588	2396066	2098107
AT4G29280.2	NUA - nuclear pore anchor	2.04E-04	1.80	1442	28	1	92862	130268	92666	157266	76883	149621	64248	90877	80258	73903	60809	91950	55355	60268	52531	48597	65904	36354	43328	45550	37210	57012
AT5G21160.1	LA RNA-binding protein	2.05E-04	1.79	372	5	5	286318	298674	359568	492111	258585	283800	181763	245317	241053	235704	132241	163113	152127	165842	191886	164774	175630	186318	152258	131095	102164	99524
AT1G56720.1	HT3.T3 - drug/metabolite exporter/sugar/inositol transporter/ phenotype 173	2.83E-04	1.25	376	9	8	263139	271745	261634	347412	296623	366507	334540	341530	361286	326897	221698	232927	232596	255231	241228	295543	241666	208781	240585	231295	224927	
AT4G29090.1	Vacuolar iron transporter (VIT) family protein	3.36E-04	1.56	138	3	2	196037	174638	170385	154898	124702	99970	82906	163371	107975	98816	100365	97578	97205	87747	84428	93062	79932	79604	97529	75264	69579	85350
AT4G27870.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	4.03E-04	1.73	50	1	1	16087	14954	16668	22848	14323	16378	11940	16715	10423	12117	8908	12954	12052	7336	11001	11150	8223	5354	8521	7221	4416	5264
AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	4.34E-04	1.51	499	10	10	799840	753403	725070	988836	620856	553413	449714	688984	601108	509122	366848	461393	431556	412950	416491	341430	412388	384407	363162	364069	327255	327570
AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	4.50E-04	1.43	226	5	4	57123	61724	49819	83014	64115	55917	46499	35678	57841	50282	63491	40814	40995	36519	31218	35983	27476	40725	43939	48728	44786	46481
AT3G26935.1	DHHC-type zinc finger family protein	4.72E-04	1.81	45	1	1	26348	28836	37788	37560	28831	15119	15278	22567	21864	21082	14032	17124	18085	17720	14860	11273	13269	10830	17714	10151	7079	10588
AT1G07770.1;AT1G23170.2	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	4.85E-04	1.39	305	7	6	307361	268245	200023	284575	234849	196184	179117	262054	314673	249039	224952	175488	171832	192894	167224	140796	144567	141764	124354	212391	210094	160616
AT1G24160.1;AT1G70100.1	unknown protein	4.94E-04	1.61	168	5	4	81864	94159	47857	56962	57334	39771	45413	77826	55308	56562	42111	36450	38069	39124	46555	43029	38269	32842	34053	32761	41173	32203
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	5.06E-04	1.38	1014	16	16	4984687	4958914	3915325	4767025	3617668	3127543	2776747	4946468	4462731	3953571	2678714	2906986	3118092	2844181	2997423	2734993	2894830	2668470	2884380	3207932	3084676	2631750
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	5.55E-04	1.47	335	6	6	1013040	981142	905096	1536151	754929	1006611	652310	939182	822114	721994	563059	639569	700917	595367	687751	566363	611306	524334	632430	671075	510927	596274
AT5G47010.1	LIP1, LBA1, ATNIP1 - RNA helicase, putative	5.55E-04	1.92	242	5	4	221931	193494	182752	276469	167480	81204	97941	309827	202654	153388	92854	112936	96817	91083	89953	47103	89204	92181	97831	100521	87248	50820
AT3G49400.2	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.63E-04	4.25	24	1	1	13417	23474	30261	36297	29969	4504	4291	14663	23081	21167	2579	4343	3784	1680	6994	10950	3303	4615	3644	5052	1794	1823
AT3G57870.1	elF iso401 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	6.79E-04	1.59	391	6	6	106795	105068	79342	135636	188051	176220	150782	141519	136886	121017	171412	56338	77948	73211	63591	84056	92684	175879	73512	71972	80612	104147
AT4G39680.1	CCCH-type zinc finger family protein	6.82E-04	1.63	306	5	5	257682	211246	139015	243974	195469	154356	106215	264650	239397	199845	138655	113203	110202	154248	151164	98374	108869	101412	125222	137934	106670	99213
AT4G29400.1;AT3G26120.1;ATS4	AMS, MLS - MEI2-like protein 5	7.09E-04	2.03	151	5	4	213996	192790	97201	152366	113765	92379	67379	155646	112447	69453	58095	68338	95404	82506	82923	36978	38795	36587	68729	59107	39758	42508
AT2G25830.1	YebC-related	8.04E-04	1.60	82	2	1	35639	32398	15331	35804	27764	16912	24588	28210	25030	22033	25937	18569	24188	16841	16633	22078	14236	9229	11255	16428	12138	19195
AT2G18440.1	PETN/TOAT family protein	8.73E-04	1.48	463	7	7	551454	550311	300943	591340	169465	359674	295031	572700	444597	376576	326491	253864	232024	288226	308641	186312	277360	320815	327984	339621	292868	284990
AT1G27110.1	DNAse I-like superfamily protein	8.89E-04	1.52	99	2	2	78278	54518	53704	72466	34322	54086	40557	62314	50819	48471	41990	45918	33781	39432	24293	40913	32275	19606	38608	45844	29607	37693
AT4G00370.1	ANTR2, PHT4;4 - Major facilitator superfamily protein	8.95E-04	4.64	20	1	1	50598	38954	26773	95019	19566	7232	6836	67642	39558	57825	19448	14496	9602	18379	13870	3683	1881	12073	10988	13161	738	3491
AT4G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	8.98E-04	1.33	436	10	4	86512	92362	123554	139392	119416	141034	140026	98262	139328	122887	153023	91349	96542	107393	95007	64945	102413	93802	94673	88666	109099	79384
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	8.98E-04	1.19	181	3	3	329094	353865	366611	455680	350918	354376	324016	416810	467511	353134	423413	307837	294773	360556	340334	306703	328833	296326	317110	319937	291992	346536
AT4G05410.1	ATH2B, ATH2, HB25, ZHD1 - homeobox protein 25	9.27E-04	1.60	506	9	9	2100289	2153910	1725759	2502236	1567631	1800925	900630	1435237	1134951	1235970	770156	943094	984558	878894	889246	954947	970005	852124	835658	738568	756364	694003	
AT5G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	9.79E-04	1.59	212	6	5	77549	84293	111808	164611	109683	185927	158464	76578	134770	119078	172708	78266	70456	94992	62801	70107	67785	69647	72302	101297	110704	80357
AT1G72310.1;AT1G17880.1	Nascent polypeptide associated complex NAC	1.00E-03	1.49	73	3	3	145913	105688	70702	110855	78806	92390	61961	87861	84125	81315	66929	65151	64898	61319	58369	58136	63400	76458	69939	47584	59344	
AT1G14670.1;AT5G37510.1	Endomembrane protein 70 protein family	1.01E-03	1.76	22	1	1	27427	33734	55899	67044	33585	62003	30489	39406	18475	32010	39404	18475	25002	33489	24103	23632	26817	18075	12878	24835	16972	17412
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	1.08E-03	1.66	149	5	5	88781	101320	113379	135904	61679	100188	41492	75517	93535	90179	57451	79284	48977	53608	73372	43633	39351	37186	63681	53007	45611	40705
AT5G10470.2;AT5G10470.1	KAC1 - kinesin like protein that acts on actin based chloroplast movement 1	1.10E-03	1.28	791	17	15	405488	421881	426437	559625	404588	510132	405587	473222	415579	346566	593962	313126	390208	364799	454001	326397	396589	422071	385873	472306	346734	396221
AT5G28060.1;XM049420.1	Ribosomal protein S24e family protein	1.15E-03	1.46	62	2	2	69125	34957	41242	54495	36796	47521	45669	51395	60584	47931	54163	29849	22362	39845	19033	32987	26368	43622	33437	42507	39690	41731
AT3G61260.1	Nemorin family protein	1.20E-03	1.35	433	10	8	1184129	1118343	1553954	1759399	1091597	1112452	807422	1320215	1298065	1307038	984278	1070698	1028529	793319	854701	910742	842178	713651	1112828	982317	845212	852559
AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	1.23E-03	1.27	660	15	14	370813	370913	477526	610294	491417	537767	582502	390135	505538	418847	592078	393094	391684	380586	375459	359912	391575	451135	371555	405828	368526	350299
AT2G23290.1	RPL27A, RPL27AB - Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	1.25E-03	1.29	80	3	3	197523	190770	195230	252643	178468	280111	150087	179848	211308	192646	207339	174960	186278	154341	142007	155135	142957	172182	200672	159980	142383	133115
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	1.31E-03	1.29	648	12	12	1078117	1116231	1039677	1151936	863285	705716	765380	1270800	1351119	1011081	1029188	779301	768973	713532	797757	768509	822746	736330	867499	851176	879731	848531
AT5G25351.1	dentin sialophosphoprotein-related	1.45E-03	1.94	28	1	1	25009	22916	15134	19439	14707	10088	8219	18973	11819	12683	5032	5157	9551	7922	7108	9745	8287	10163	6417	9214	5835	5027
AT5G64160.1	unknown protein	1.47E-03	2.59	110	3	3	31320	30304	20877	25176	19423	23084	10944	29338	34177	25164	3434	21569	14017	8915	6674	11201	5138	6525	6340	9940	3990	3374
ATMG00510.1	NAD7 - NADH dehydrogenase subunit 7	1.49E-03	1.24	112	2	2	190217	189431	181647	233041	159873	200236	178033	139418	165552	153478	133329	146076	162276	131609	156077	128604	149965	144714	138072	127515	143854	124465
AT1G60010.1	splicing factor-related / U2AF homology motif (UHM)-containing protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1.49E-03	1.44	212	5	5	281077	266387	222392	265712	218703	155513	123556	253067	270717	208159	167343	144104	156449	132929	172767	127963	135699	121692	104858	119010	106138	105275
AT4G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	1.54E-03	1.43	272	5	2	185571	175061	130829	128641	196008	190847	223217	228781	193282	195116	256119	88067	138878	174570	130652	84106	124180	132600	188297	170854	112536	124664
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	1.60E-03	1.30	739	11	11	821935	827353	775734	904798	961950	799186	934500	1113262	1395578	1064198	1071531	636959	741403	729632	730544	601935	659711	663699	964183	919588	836744	747963
AT5G09860.2;AT5G09860.1	THO1 - nuclear matrix protein-related	1.63E-03	1.67	46	1	1	75695	71743	40682	35710	53652	53221	48392	103015	87507	57104	52283	16625	45988	37408	33442	26223	26351	34269	52720	59155	35964	36108
AT1G76970.1	Target of MyB protein 1	1.64E-03	2.11	213	2	1	94812	92421	135207	125582	57015	78522	34585	74843	36316	58836	40249	34006	37317	32567	49118	42574	32284	34151	41164	19904	18273	
AT1G61690.1	phosphoinositide binding	1.64E-03	1.58	314	8	6	107201	106567	78107	99995	77336	48229	47482	143120	100358	109810	64603	62013	53603	39916	50039	56617	56829	55706	63629	56248	63508	62148
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	1.65E-03	17.26	91	1	1	12985	11833	2115	8529	10182	0	1066	17338	12661	5703	3005	1059	0	1022	0	0	124	0	0	0	462	2281	
AT2G28470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	1.66E-03	1.94	190	4	3	29181	23469	21078	30836	27917	15038	10836	40959	19339	19456	14659	10985	10410	12422	15871	12999	18774	13979	4728	5368	7130	5940
AT2G44710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.68E-03	1.63	86	2	2	277069	311374	202199	215634	165254	179359	116151	158971	159856	137638	89761	145269	114533	124105	127183	102029	119990	84575	101523	142014	85480	86749
AT3G51120.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.69E-03	1.66	221	5	5	19702	15949	20595	12107	6784	14522	8012	19359	9091	13166	10621	6980	8105	9322	7975	12022	6543	6318	9222	8154	7431	7873
AT1G05570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	1.72E-03	1.23	433	6	6	952003	942793	834655	998971	819853	770262	615836	940047	851266	762262	702915	822909	680736	672630	755837	639723	688479	634864	586143	785527	555190	629497
AT3G26400.1	EIF4B1 - eukaryotic translation initiation factor 4B1	1.87E-03	1.57	554	9	7	203145	156485	183164	251880	135735	138871	104889	276610	238053	222955	126344	94879	86053	129214	119207	94933	73011	116874	132769	157395	141185	130684
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	1.87E-03	1.40	138	5	5	1010762	971222	921568	855172	821709	563150	507479	996564	838240	728017	507693	729647	559161	625593	630899	545787	555943	535359	487303	544204	469982	539093
AT5G41750.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	1.88E-03	1.77	21	1	1	105269	113739	108301	96968	60553	41027	45884	116263	112991	81827	90377	38526	41736	45373	27711	47572	40924	24835	65257	82607	57184	78004
AT3G01960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.94E-03	1.16	395	10	9	439768	428729	465568	412786	366141	428735	451291	452597	389075	421795	487520	370521	362207	386357	396183	333098	365476	394780	329632	413517	290329	441175
AT2G38580.1	Histidine triad (HIT) protein	1.95E-03	1.69	37	2	2	13147	10822	12521	10532	10135	11575	5353	4248	10801	7486	7629	6186	4392	6979	4088	5652	5431	5332	4390	8607	6936	3762
AT4G27730.1	ATPP5, TP5 - tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.97E-03	1.50	94	2	2	31376	29921	25657	33712	24805	18602	17482	28122	22103	17514	16893	23197	21613	20679	17571	12368	15383	10821	15248	18134	11384	11165
AT2G20960.1	pEARLM - Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4 family	2.06E-03	1.44	535	12	12	437534	404124	280229	312640	315151	225799	220751	508334	396334	335658	219795	230600	240138	237125	204789	188359	207629	228065	280933	280192	224873	214261
AT4G36860.1;AT2G41060.1	UBA2A - UBP1-associated protein 2A	2.13E-03	1.34	155	5	5	123591	124131	141609	160585	96195	97535	96295	76196	84659	69144	94305	85062	98150	84193	88943	87067	89240	81016	79648	61553		
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay protein 3	2.15E-03	1.51	182	4	4	924880	960748	588667	999949	727951	758924	615041	727771	616210	499214	407248	613986	474957	616627	637978	335176	504744	511421	390502	461791	303018	327360
AT3G60320.1	Aminotransferase class-I/ion channel-modifying protein (DUF630 and DUF632)	2.15E-03	4.10	35	1	1	1645	449	3714	7345	587	206	2219	1608	1481	1817	1708	901	297	605	54	201	264	252	1861	1475	530	29	
AT4G38600.1;AT4G38600.2	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	2.19E-03	1.40	210	5	5	333357	358021	330670	388463	285466	254777	186421	414935	311609	299593	219659	232156	223021	270882	267410	173677	171047	174378	227409	295320	167062	204098
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	2.30E-03	1.32	1006	24	3	628095	566593	448041	626146	424776	373282	377229	661238	579679	496851	394428	369390	362193	342188	385412	373169	298103	392841	402984	462145	378002	455612
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, WP71 - phototropin 1	2.33E-03	1.29	2228	43	37	6264428	6012628	5767382	7077019	5313212	5427107	4599821	6516952	6529256	4527750	3792646	4547316	4498968	4195409	4411687	3706462	4339665	4193604	4161668	3417908		
AT3G22380.1	TIC - time for coffee	2.34E-03	1.78	110	2	2	8949	9354	6821	7971	6697	5026	7167	15385	13427	9147	6372	3757	6185	7202	3121	4715	1809	1750	8239	6710	5434	5308
AT5G61780.1	Tudor2, AtTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	2.45E-03	2.13	330	9	3	42091	44944	30835	57726	44665	269840	101622	60345	63728	54863	51123	30222	26749	27825	38404	17157	33732	19428	46242	52374	33762	26810
AT3G26520.1	TIP2, SIP1, AQUA2, SIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	2.48E-03	1.29	124	2	2	2274529	2200278	2019977	2638890	1687637	1855064	1549653	3281135	1962158	2921514	2517083	2224474	2278499	1856115	1894188	2238120	1506447	2193766	1981657	2073803	1801482	
AT2G46020.2;AT2G46020.1	CHR2, ATBRM, BRM, CHA2 - transcription regulatory protein SNF2, putative	2.53E-03	1.83	70	2	2	59250	47347	39339	42223	29358	24662	42288	53271	23148	25427	15527	28054	27373	25409	20319	14376	27517	23059	15947	15512	9265	11505
AT3G13200.1	EMB2769 - Cwf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	2.54E-03	1.45	259	6	6	299846	280370	314588	339040	213854	201396	148276	242479	209923	213464	134428	126408	138166	172659	176889	214907	169655	191388	149394	149307	150134	147874
AT4G32640.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	2.54E-03	2.73	46	2	1	36334	18710	6161	16197	9029	24069	15722	4488	7317	7540	17223	10167	11706	4105	658	4222	3576	3779	5748	5056	4891	5808
AT4G36730.1;AT4G36730.2	GBF1 - G-box bin

AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	8.69E-01	0.98	80	2	2	103044	75092	73086	85533	84830	61989	69117	91272	121245	84083	91011	87211	65512	56123	74413	83507	110177	99783	91019	84618	98007	105058
AT3G19190.1	ATATG2, ATG2 - autophagy 2	8.69E-01	0.89	33	1	1	4744	6338	24543	1861	6187	3928	5534	10642	11018	12423	17010	2479	8153	4386	10669	24863	3190	2568	9649	17923	20660	12289
AT5G57490.1	VDAC4, ATVDAC4 - voltage dependent anion channel 4	8.73E-01	0.98	34	1	1	2169	0	4699	1477	1846	0	36	9621	6354	5990	6378	60	451	0	0	6303	658	372	10958	5085	8475	6999
AT5G08530.1	CI51 - 51 kDa subunit of complex I	8.73E-01	1.00	280	8	8	175499	156911	154590	163525	182732	212082	257937	272340	363022	291633	461848	180620	199346	163752	188084	187601	197718	212198	373733	346506	313819	337952
AT5G05780.1;AT5G05780.2	RPN8A, AE3, ATMMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	8.75E-01	0.98	545	10	6	438609	391999	565915	500385	406964	550181	522150	320350	299698	311756	441191	463745	623366	444195	456661	512382	516885	466149	299969	405939	277070	366832
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	8.76E-01	0.99	447	7	7	440208	414162	335221	350143	446412	513680	605637	490191	486471	457080	629818	433394	473612	517211	540576	346187	373162	489114	555580	594254	410810	477193
AT2G21385.3;AT2G21385.1;AT2G21385.4	unknown protein,	8.77E-01	0.98	74	3	3	14941	16182	12068	10971	14945	15112	18359	18327	16767	12588	22000	13933	19463	19633	24633	7631	20012	19634	11502	11372	16552	10711
AT5G51770.1	Protein kinase superfamily protein	8.78E-01	0.61	44	2	1	5425	3833	5431	2936	5017	2098	3089	1474	1364	2649	3284	4744	1592	146	12293	5822	7406	20370	1170	3421	1275	1466
AT1G06430.1	FTSH8 - FTSH protease 8	8.87E-01	0.99	317	4	1	22217	17501	21469	16814	18990	16575	17533	19849	20546	14841	13683	20169	16559	16350	14819	32829	20738	20752	13866	14749	17010	14011
AT4G39730.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	8.88E-01	0.99	185	3	3	346192	265343	340389	343353	458414	394280	424761	653728	869692	678193	674884	345181	506906	409826	353218	274624	394200	474130	967720	599430	610388	594385
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	8.88E-01	0.99	139	3	3	23175	36025	40446	45150	34827	54019	50239	31858	39802	32622	53794	31212	42556	61366	50711	38779	30910	31761	46711	29284	42638	41130
AT1G53670.1;AT1G53670.2	MSRB1, ATMSRB1 - methionine sulfoxide reductase B 1	8.89E-01	0.95	75	2	2	72329	43883	63003	67371	48162	27622	40845	40414	47530	41293	37788	35472	40682	79042	69595	92239	40458	55460	34312	35607	32361	42012
AT1G06060.1	LisH and RanBPM domains containing protein	8.89E-01	0.96	57	1	1	4698	5934	10366	6219	9488	11367	12712	12531	16083	17643	20868	4641	8371	5620	7553	22189	9278	11139	19413	16217	13562	15672
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	8.90E-01	0.99	442	8	8	195510	200828	221091	176555	238132	250194	239655	231758	292852	230719	305815	186310	231846	228614	268186	234496	210635	182778	263677	254471	293171	246754
AT4G38900.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	8.90E-01	1.00	42	1	1	10414	3515	16725	19788	3745	13329	3794	13724	16929	21302	20392	19343	2215	12639	21100	8124	10494	1661	18412	17937	13912	18396
AT4G23120.1	Bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	8.93E-01	0.72	25	1	1	251	0	1266	817	385	539	1306	536	2167	1468	4419	347	415	860	1793	7	1149	0	5776	841	2303	4821
ATCG01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster binding	9.00E-01	0.99	130	2	2	352938	355680	293687	377177	270545	268173	322019	404717	363457	319838	332153	240073	279317	347078	356990	362008	377358	328825	301199	382244	421229	306122
AT1G20490.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	9.01E-01	0.99	44	2	1	21646	22749	3564	939	3663	4923	9737	21326	0	792	762	1067	12597	14935	21101	602	20286	16991	1048	0	2233	292
AT4G03270.1	CYCD6;1 - Cyclin D6;1	9.01E-01	0.91	21	1	1	365	0	2182	2597	393	9778	1775	7087	5583	4374	10626	54	67	103	76	11179	1636	923	8478	8675	8402	9516
AT5G10060.1	ENTH/VHS family protein	9.01E-01	1.00	21	1	1	7301	10009	23614	21162	23462	31266	52606	23952	19504	22322	16310	21735	26554	8179	3695	21820	19871	23259	25414	32237	42019	27600
AT5G51490.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	9.02E-01	0.99	25	1	1	284173	356324	266469	300715	418549	412952	483400	456038	422588	521633	596453	269729	415964	406156	451708	300769	442533	603581	485718	475786	266941	464214
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	9.03E-01	0.95	88	3	1	93734	96376	98682	158018	113812	141263	150083	166602	160906	60229	39390	125260	137300	173925	149483	112032	157712	90088	32183	35433	19058	18505
AT3G48690.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.10E-01	0.93	24	1	1	5731	6951	8475	9047	8671	14259	7103	3176	2292	3900	6029	15898	10066	13067	13712	4135	7230	4694	4915	3326	2226	2239
AT1G67840.2;AT1G67840.1	CSK - chloroplast sensor kinase	9.17E-01	0.81	20	1	1	783	944	2088	1313	1048	1985	2929	5622	2497	6007	5536	1174	1266	1571	133	2615	2226	4985	4836	3629	1624	13804
AT1G15380.1	ATCKX1, CKX1 - C-terminal cysteine residue is changed to a serine 1	9.18E-01	0.99	26	1	1	31028	13673	22485	17918	32091	8554	27228	48006	42178	34828	34331	12781	19343	20666	32390	25912	25137	12727	36154	38751	45303	45077
AT1G04930.2	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	9.18E-01	0.86	43	2	1	11715	15409	3062	1007	5487	385	3825	2903	3870	3126	725	15521	2323	12840	15295	3146	2756	302	1306	1362	2926	2084
AT1G30860.1	RING/U-box superfamily protein	9.20E-01	0.94	24	1	1	400443	343116	208154	546750	550034	991724	655022	193283	210722	224399	287618	978420	437270	746347	607388	223323	566410	559191	214388	226382	115568	255167
AT5G54440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	9.22E-01	1.00	206	6	6	177072	150721	150760	218185	185505	286376	191213	149960	167503	141866	170971	181837	210655	204087	204301	186968	210841	216965	178089	153244	147034	136433
AT2G25110.1	SDF2, ATSDL, AtSDF2 - stromal cell-derived factor 2-like protein precursor	9.22E-01	0.73	25	1	1	1691	763	6047	3040	3762	1117	2433	2761	4861	3036	7008	6540	1124	567	2394	3128	371	15133	7518	3427	4095	5779
AT4G16570.1	ATPRMT7, PRMT7 - protein arginine methyltransferase 7	9.26E-01	0.71	26	1	1	0	0	118	0	397	0	0	1788	1046	1875	4378	266	0	0	0	0	0	277	4787	1257	2101	4808
AT5G12260.1	LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	9.30E-01	0.95	123	3	3	9178	12761	18763	14986	11632	18042	13600	17658	47435	32812	42360	18034	12948	16177	11045	9372	5721	13903	38801	37316	52231	35825
AT2G42690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.32E-01	0.98	29	1	1	16728	10945	21175	20011	24799	10619	8591	47113	48213	52592	64387	16572	20620	25827	16834	8547	9468	8835	65590	51193	60787	45993
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	9.33E-01	1.00	205	5	4	163716	145416	175025	200663	179441	249118	251629	185800	235899	213464	307685	200521	207581	193414	156604	195058	196694	143383	250009	239474	279530	253905
AT4G34710.1	ADC2, SPE2, ATADC2 - arginine decarboxylase 2	9.39E-01	0.99	24	1	1	15783	4036	0	2	7112	0	5220	2865	34	25	22	0	6364	0	10797	3	4483	13513	19	18	116	121
AT5G22520.1	unknown protein	9.40E-01	0.95	23	1	1	22730	24140	29727	22187	25495	44195	28634	13927	13072	17077	19296	20377	28877	46506	44022	28192	35432	21253	12607	13882	12136	10974
AT4G38680.1	GRP2, CSDP2, CSP2, ATCSP2 - glycine rich protein 2	9.40E-01	0.95	25	1	1	36973	148367	208760	105073	196247	85656	210207	190790	192219	172465	181045	177107	218213	92626	68621	212101	184855	22113	203007	174102	199762	258119
AT4G01935.1	unknown protein	9.40E-01	0.92	29	1	1	8432	17182	10982	950	3138	17333	24119	22831	8230	24077	19253	9748	2683	12288	1280	18023	4971	11502	26517	25359	30894	24026
AT5G27050.1	unknown protein; Has 43 Blast hits to 43 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0;	9.41E-01	1.00	75	3	3	114538	129321	99024	172605	133915	143833	145166	117181	144106	120541	150988	135500	123449	127241	140516	143289	170063	148051	108816	110173	129971	142059
AT2G30050.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	9.42E-01	0.71	30	1	1	0	0	477	0	0	0	0	656	3520	2598	3602	0	0	0	0	283	0	0	3326	2191	5027	4425
AT3G10670.1	ATNAP7, NAP7 - non-intrinsic ABC protein 7	9.47E-01	0.84	88	2	2	6242	5466	5841	1805	4301	5291	5638	1194	16122	14572	14751	11216	8581	8080	1909	180	3270	4143	13667	8994	12693	23837
AT4G14070.1;AT3G23790.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	9.51E-01	1.00	209	5	3	117540	127945	117375	104274	120904	108237	125811	99217	120613	102672	124075	113908	137528	127841	128648	99178	111181	116620	122913	95102	105771	94178
AT4G02520.1;AT1G02920.1;AT2G02930.1	ATGSTF2, ATPMC4.1, ATPMZ4, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	9.54E-01	0.99	295	7	6	192151	196323	289741	313790	238079	302676	213238	241407	308914	234867	246579	207740	203902	247841	160514	294068	286974	322228	241074	260543	288085	289459
AT3G48280.1	CYP71A25 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 25	9.54E-01	0.93	24	1	1	23049	22057	26537	34812	26071	13145	20310	25967	26862	21759	10813	15601	22559	18032	7110	29932	46140	37076	15088	19742	34298	25624
AT1G20640.1	Plant regulator RWP-RK family protein	9.55E-01	0.92	28	1	1	15977	17055	10137	10152	13008	14387	20476	8128	16656	17502	11152	21230	9848	17418	13925	3537	8497	21615	12947	15123	20280	22336
AT5G39210.1	CRR7 - chlororespiratory reduction 7	9.56E-01	0.99	85	1	1	88503	94549	48484	40119	73660	74671	86404	116282	78932	85260	73306	26324	74641	85191	67899	67450	124359	104060	66288	89900	71839	95282
AT2G30200.2	catalytic;transferases;[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	9.58E-01	0.98	70	2	2	24181	16103	22153	12441	15049	16037	19286	15249	15059	21735	30950	29053	18397	10958	21657	12520	12326	31857	24983	19238	13002	18279
AT4G23600.1	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	9.58E-01	0.59	40	1	1	305	953	1535	1453	1022	1348	2033	3853	5967	4929	9040	3526	0	3320	2579	2746	1882	4040	9851	4827	10142	10019
AT1G51320.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	9.59E-01	0.90	20	1	1	403	1492	3127	804	519	627	2307	1470	791	2777	1949	1062	85	1403	2053	2096	3600	482	1882	1766	2507	1136
AT1G09740.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	9.59E-01	0.87	28	1	1	62	62	80	1509	0	369	0	0	3159	1904	3636	0	0	0	79	1013	0	1016	2012	1960	3927	2386
AT4G25880.1	APUM6, PUM6 - pumilio 6	9.59E-01	0.95	37	1	1	18737	19419	8753	22980	21658	17140	10336	17054	11396	13376	7072	19566	11465	18423	16163	10407	31475	25118	4232	8236	18655	12853
AT1G66250.1	O-Glycosyl hydrolases family 17 protein	9.62E-01	0.96	47	2	2	129809	127483	202837	252496	180719	106148	66005	218907	118726	215204	82912	271497	230330	192393	197220	96204	81599	74149	404532	231820	117742	103627
AT4G14740.1	Plant protein of unknown function (DUF828) with plant pleckstrin homology-like region	9.64E-01	0.99	55	2	2	15885	22805	18622	14318	11388	16248	14569	14999	9287	11311	11683	12108	19390	21061	20393	14884	8556	14195	11430	17454	8098	15266
AT2G47610.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.67E-01	0.91	59	1	1	1301	2536	3857	3500	2598	4527	2317	3373	2241	1520	910	3310	2154	2848	3399	5983	4073	4977	835	1786	595	1511
AT5G08640.1	FLS, ATFLS1, FLS1 - flavonol synthase 1	9.72E-01	0.95	23	1	1	746	0	0	3187	816	3023	782	0	0	624	897	1291	3644	959	2076	0	824	1302	0	0	0	500
AT4G32960.1	unknown protein	9.73E-01	0.99	64	1	1	49596	43018	40825	36179	42060	53814	56751	21097	25792	15702	31625	53123	58342	40886	58936	38525	39341	51212	21223	18993	19790	22054
AT1G53340.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	9.76E-01	1.00	21	1	1	36913	32870	46173	57299	49144	57977	44066	56792	44421	55364	46591	33974	46171	58476	45726	40320	64446	60819	55338	47329	39141	37518
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH-cytochrome B5 reductase 1	9.80E-01	0.97	84	2	2	41626	39770	66455	54490	70699	49032	73501	105636	157857	130000	149923	13115	72377	69074	53108	61914	86010	88263	149388	139188	121329	111986
AT2G42270.1	U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase	9.80E-01	0.70	43	2	1	48	91	1955	288	273	211	118	2224	3214	2911	11042	504	586	37	565	4508	137	0	7108	4515	5658	8337
AT4G14250.1	structural constituent of ribosome	9.81E-01	0.58	22	1	1	316	1033	2330	177	530	705	542	625	3447	2252	906	1374	1003	0	1764	374	2513	543	4928	4220	2508	2997
AT2G15420.1	myosin heavy chain-related	9.83E-01	0.86	20	1	1	23511	20578	46044	16501	18259	13231	23458	65399	101961	56472	67413	26821	11454	15918	11352	53322	25755	8793	72097	102575	90433	108168
AT3G46830.1;AT1G07410.1	ATRAB11A, ATRAB2C, ATRAB-A2C, RAB-A2C, RAB2C - RAB GTPase homolog A2C	9.86E-01	0.93	220	6	1	8202	3718	13616	7498	12064	3584	4163	20275	26064	27286	19299	3301	8071	4739	10724	13423	7499	2170	24610	25094	30967	25645
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	9.86E-01	0.99	225	5	5	254947	209919	205152	179549	179073	174634	150779	231172	245450	214654	209331	127079	171967	161639	173292	238804	237372	201903	224204	240360	271148	235361
AT3G62200.1	Putative endonuclease or glycosyl hydrolase	9.86E-01	0.99	22	1	1	18315	15668	12960	9818	9511	10820	9618	15749	16717	9917	13395	12293	9950	13049	11377	16293	12304	7630	11028	10774	20860	19089
AT5G56500.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	9.86E-01	0.83	641	11	1	0	0	2467	0	126	201	141	2650	2391	2915	3851	485	0	0	0	3643	3	4066	2928	1958	951	3664
AT2G37690.1	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, putative / AIR carboxylase, putative	9.87E-01	0.76	52	2	2	7665	5765	2497	2149	6977	499	0	3292	2322	1786	3604	9045	6881	119	6675	2782	6797	0	2772	786	9987	2477
AT4G26510.1;AT1G55810.1	UKL4 - uridine kinase-like 4	9.87E-01	0.98	204	4	3	30195	25938	27812	30831	43420	40558	36973	30778	27417	28915	33166	47425	44043	31372	31845	26177	24274	42117	29232	38103	20100	27834
AT5G25020.1	Protein of unknown function (DUF1336)	9.88E-01	0.93	26	1	1	38783	41719	40185	40922	35098	63354	45868	14867	14246	17721	27950	38371	49992	93844	52673	39351	45133	20572	29189	12046	15287	14685
AT4G31530.2;AT4G31530.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.89E-01	1.00	40	1	1	11101	19222	10481	15118	15957	15514	17723	9458	24595	15179	23269	15576	15286	13544	19763	8246	14829	23541	18361	18835	21233	8865
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e family protein	9.91E-01	0.95	72	2	1	3231	1609	12097	1817	3587	2255	8220	35912	33209	30345	23274	2628	4415	4428	2074	15184	1725	2026	33766	39346	36275	21896
AT5G57655.2;AT5G57655.1	xylose isomerase family protein	9.91E-01	0.95	84	2	2	10376	8607	11958	23781	22055	13737	17818	11579	20631	19545	25816	11676	5738	20965	14684	20321	20485	6154	25770	23350	21612	24637
AT3G58460.1;AT3G58460.2	ATRBL15, RBL15 - RHOMBOID-like protein 15	9.92E-01	0.97	32	1	1	1814	1561	2930	1317	1782	2633	2328	1892	2018	1556	1769	1531	2375	1871	3575	2304	1734	2703	2029	1029	1796	1256
AT1G74030.1	ENO1 - enolase 1	9.95E-01	0.95	44	2	1	29201	39972	49574	38329	47403	66669	60122	32433	43192	41687	50964	43853	62450	85371	60714	59553	60572	34535	38004	28763	24610	26097
AT5G06230.1	TBL9 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 9	9.96E-01	0.98	20	1	1	40666	34341	17581	15665	22933	10916	24729	55637	57463	25791	39604	13029	12450	16237	20524	27329	34134	24634	50649	60808	40782	50448
AT2G33490.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	9.97E-01	1.00	35	1	1	26370	40493	36395	19697	33048	17321	34079	26995	21540	16944	9098	38293	29562	34117	37913	31922	21112	32739	13991	13213	18132	12277
AT3G08780.2	unknown protein	9.98E-01	0.94	25	1	1	13202	13084	11374	1871	9594	4435	6637	9772	5100	7055	6738	7030	15558	16990	6542	11543	9849	12055	5630	3120	3223	2588
AT4G27330.1	SPL, NZZ - spontaneous(SPL)	9.99E-01	0.56	46	2	1	127	89	1679	1079	2296	12292	1297	683	267	353	261	0	10517	4616	1752	6529	9645	2303	389	55	693	141
AT1G57660.1	Translation protein SH3-like family protein	9.99E-01	0.99	30	1	1	9592	9568	9856	11064	8981	14489	12759	6287	5521	6502	6744	13270	9954	10945	6698	10199	13241	13814	7373	5937	5388	5946

Tabelle B15-a

G-7h

										Normalized abundance										
										DD						KR				
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G02920.1	ATGSTF7, GSTF11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	1.08E-12	18.00	136	0	1	3	2	AT1G02930.1	277818	306691	303113	342604	262559	277861	14252	14432	19490	15797	18875	15542
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	1.64E-11	70.55	118	3	1	3	3		97693	98523	71534	70054	102440	101868	878	1109	1211	1223	1295	1968
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	4.81E-11	4.01	2124	3	2	39	39		2948440	3078351	3615440	3819052	3366423	3390223	892020	859358	899218	803519	824283	764114
AT1G21130.1	O-methyltransferase family protein	5.36E-11	11.05	161	1	3	4	4	AT1G21130.2	124613	113221	82489	94928	107991	108762	9538	10860	11253	9093	7713	8714
AT2G26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	4.87E-09	3.47	586	3	1	7	7		661395	768494	850023	861035	890760	961392	275109	246788	242229	249313	217774	207943
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	6.19E-09	6.73	503	0	2	8	5	AT5G17330.1	203412	264070	227210	242249	249852	255564	21744	37254	37314	34784	39193	44062
AT2G34500.1	CYP710A1 - cytochrome P450, family 710, subfamily A, polypeptide 1	2.19E-08	3.66	25	2	1	1	1		39996	28138	35379	32671	37826	36585	7374	8672	9992	9429	10422	11686
AT2G38470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	1.32E-07	4.23	423	5	0	7	7	AT3G01080.1	505225	525678	439269	420283	469227	508061	88165	83698	106377	99539	137146	163312
AT2G41100.1	TCH3, ATCAL4 - Calcium-binding EF hand family protein	1.37E-07	3.91	80	1	0	2	2	AT2G41100.2	32255	26376	39393	41683	32459	36597	8635	8133	8879	10946	10482	6311
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	3.54E-07	2.33	149	0	1	3	3		77961	67847	89800	84079	73882	77536	36137	28521	29194	30248	37755	40298
AT5G37600.1	ATGSN1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	5.05E-07	4.16	286	0	1	7	2	AT3G17820.1;AT5G16570.1	141695	117738	144055	105939	133052	120838	43460	36467	32937	27120	19627	23926
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	1.04E-06	3.75	129	3	3	3	3	AT2G25430.1	102158	81317	62616	63656	85444	88146	22373	25712	25263	24678	14713	16243
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6R - Ribosomal protein S6e	3.95E-06	2.80	150	1	3	3	1		38625	28980	43618	37632	33756	24298	10157	13124	10654	10474	15741	13682
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	4.63E-06	37.96	125	3	1	2	2		85786	83294	58215	48877	55338	69865	1329	206	883	792	3274	4089
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	5.97E-06	2.42	699	16	9	19	19		1212508	1142794	953427	934969	1217342	1250225	392837	347614	439163	409720	584339	595327
AT4G22690.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	1.22E-05	2.87	950	4	1	15	15		640502	711898	526382	572246	783396	830865	308410	304690	238954	233323	165598	165323
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.30E-05	2.23	294	5	1	4	4		189511	152306	128774	108353	134902	134407	47913	55137	67612	73088	68738	67415
AT5G51160.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.33E-05	2.90	270	2	2	6	6	AT5G66280.1	201256	192073	315372	282875	242755	230269	114527	101550	83975	86343	55919	62929
AT4G31700.1	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	1.83E-05	2.56	193	1	3	6	4	AT5G10360.2	82057	72812	92255	71556	83748	94645	27360	20050	32205	28806	41354	44174
AT1G25450.1	KCS5, CER60 - 3-ketoacyl-CoA synthase 5	2.67E-05	6.10	25	1	4	1	1		99240	47938	151066	149276	100666	77332	30524	23451	11867	10784	11109	14752
AT5G05730.2	ASA1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	3.91E-05	2.84	118	3	1	3	3		43443	44958	55469	51708	48428	51743	10419	15401	12636	15633	31333	18592
AT2G23900.1	Pectin lyase-like superfamily protein	6.38E-05	2.77	28	3	1	1	1		37217	35639	34445	44885	34686	54019	16512	16799	18530	16272	11490	7433
AT3G60240.2	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	6.38E-05	2.59	54	14	11	2	2		28743	26331	15260	18947	24316	28508	12364	11036	7894	9756	6691	7100
AT3G46530.1	RPP13 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	7.59E-05	6.42	23	0	2	1	1		65340	73534	98420	93966	90922	102235	19061	21943	15177	16272	3314	5903
AT1G55450.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	7.70E-05	4.05	177	1	2	4	4	AT1G55450.2;AT3G54150.1	77507	90178	65881	74186	103413	96372	28412	32258	24501	20918	10521	8621
AT2G32240.1	unknown protein	8.70E-05	2.55	233	1	1	5	5		191492	239653	175787	185282	151791	201378	51550	46521	68662	70926	115998	94697
AT2G40000.1	HSPRO2, ATHSPRO2 - ortholog of sugar beet HS1 PRO-1 2	9.55E-05	3.39	131	3	0	3	3		57345	60683	41291	62291	55982	64073	21136	22144	14096	11928	24507	6895
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	1.22E-04	14.01	174	8	4	3	3		111458	150119	72193	92649	106756	135043	2777	658	6428	9787	13191	14857
AT5G60600.1	GCPE, ISP6, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	1.45E-04	4.24	21	3	1	1	1		84355	62438	127202	121949	49188	39088	14167	20026	30446	20650	16209	12823
AT5G44070.1	CAD1, ARA8, ATPCS1, PCS1 - phytochelatin synthase 1 (PCS1)	1.49E-04	2.27	72	3	0	2	2		36112	40292	22766	34255	30807	31331	17217	18807	13919	15263	8395	12629
AT1G59870.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	1.76E-04	2.48	625	3	2	12	12	AT1G15520.1;AT1G15210.1	412075	426231	290135	330026	481809	509092	220027	251275	133871	145067	132324	106997
AT2G32700.1	LUH - LEUNIG_homolog	2.45E-04	2.05	44	7	3	1	1		18548	18342	20918	20337	23224	19746	10951	10846	13593	10915	6051	6586
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	2.68E-04	2.15	85	1	2	2	2		16827	13238	16355	12518	18227	12244	9679	8798	5391	6388	4221	7177
AT3G13460.1	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	2.98E-04	2.33	85	4	3	2	2	AT1G55500.1;AT3G13460.2	16742	16921	23877	28138	19772	20767	14143	11207	5769	6955	6767	9391
AT2G39460.1	ATRP1A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	3.88E-04	2.63	336	1	2	6	6	AT3G55280.1	3916372	3912830	5782956	6655658	2503352	2829733	1449814	1730877	1944505	1969027	1465170	1178913
AT5G58310.1	ATMES18, MES18 - methyl esterase 18	4.41E-04	2.01	61	2	0	1	1		93259	109282	126933	91226	109713	107204	53788	72803	71992	48287	32026	39088
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	4.47E-04	2.77	142	2	3	3	3	AT5G25880.1	111686	117454	127907	151830	144486	133660	49502	55952	63390	70741	23547	21339
AT1G54380.1	spliceosome protein-related	7.71E-04	3.23	34	0	3	1	1		22004	51914	19167	33086	12602	41723	11649	10364	9511	8462	7722	8237
AT2G27860.1	AXS1 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1	1.03E-03	2.73	53	2	2	1	1		9663	8616	6655	5887	6521	8394	4467	3459	3788	1938	2110	993
AT3G48310.1	CYP71A22 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 22	1.17E-03	3.78	25	1	1	1	1		10531	7543	10419	12477	11628	6450	4350	2394	2346	4535	1461	553
AT2G20030.1	RING/U-box superfamily protein	1.24E-03	2.42	27	2	0	1	1		30413	30902	29432	28405	32552	44810	11627	10598	6943	7419	25042	19648
AT2G24050.1	eIFiso4G2 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	1.40E-03	2.15	53	3	3	1	1		7524	6940	10352	9925	8274	8339	3665	4829	7085	3151	3297	1901
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	1.46E-03	2.26	108	2	0	2	2	AT2G41430.3	370353	371787	298164	339862	347835	344437	90476	88107	106872	104625	276314	250038
AT1G03120.1	ATRAB28, RAB28 - responsive to abscisic acid 28	2.31E-03	2.36	22	1	1	1	1		110751	136558	84702	84851	96566	117779	69633	69682	44584	32797	34036	16360
AT1G13960.1	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	2.66E-03	2.15	26	6	1	1	1		8180	7548	4919	4135	4492	5084	2097	3160	2866	4102	1273	2459
AT1G78850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	2.72E-03	7.88	113	5	2	2	2	AT1G78860.1	20597	13490	15886	23621	23110	27029	6773	1563	3261	444	3598	68
AT1G22870.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	2.81E-03	37.81	29	3	3	1	1		24973	20214	22197	23553	10330	20602	737	654	7	814	0	1012
AT3G28140.1	RNA ligase/cyclic nucleotide phosphodiesterase family protein	3.31E-03	3.73	29	2	1	1	1		2758	1905	5417	3897	2996	3197	936	200	597	218	1974	1477
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	3.51E-03	2.16	123	0	1	3	2	AT2G02930.1	154096	189733	215751	269527	146203	171677	107143	122466	107179	106364	48053	39370
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	3.59E-03	2.32	57	1	0	1	1		9827	16316	7723	12298	8582	12313	6081	8103	2196	5239	2399	4931
AT5G57870.1	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	3.66E-03	2.25	245	3	1	4	4		95330	79428	192220	168873	137311	119237	63987	74131	78875	70871	31805	31787
AT5G15650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	4.47E-03	2.37	30	1	1	1	1		32068	30624	36334	41733	29754	23114	21282	25356	11749	11183	7845	4375
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.38E-03	2.25	52	0	1	1	1		55466	48800	39590	37589	44362	44419	25646	23971	25506	28262	10558	5978
AT2G14120.1	DRP3B - dynamin related protein	5.82E-03	2.96	73	2	1	1	1		44068	29991	43889	44734	26892	28029	18000	14003	18565	16553	3920	2452
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.44E-03	2.44	36	2	1	1	1		3680	7206	11227	16931	7475	12474	3912	4925	4167	4848	3174	3136
AT5G43130.1	TAF4, TAF4B - TBP-associated factor 4	7.04E-03	2.26	27	2	1	1	1		23053	40019	51193	48751	25695	31575	23332	23788	17361	18197	8148	6727
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase II	7.72E-03	2.43	23	6	3	1	1		5522	5024	12077	8600	7226	8762	4220	4500	3178	2811	3923	822
AT1G03870.1	ANKRT1, ERT75, ATERT75 - ankyrin 1	8.03E-03	2.44	29	0	0	1	1		2214	3283	6258	2907	2982	2529	4609	2228	4201	1312	2195	
AT1G22790.1	unknown protein	8.78E-03	2.64	21	2	1	1	1		61236	44808	26930	29073	28494	25772	7658	6339	3301	9906	33058	21655
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	8.94E-03	2.12	99	0	1	4	4		375955	359916	439194	430662	234917	247674	201487	186517	224622	230905	79811	62538
AT3G44110.1	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	9.20E-03	2.25	58	2	0	1	1		87041	80184	65306	91199	44749	64165	32839	40108	42397	52135	14673	9862
AT5G47690.1	binding	1.02E-02	2.40	72	4	5	2	2		13099	17852	16198	9816	12024	14286	4723	5814	9239	8820	1094	5061
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.04E-02	2.01	32	3	3	1	1		13510	11501	13480	10698	8855	9466	10782	5735	4514	3624	2043	
AT1G79990.1	structural molecules	1.07E-02	2.09	56	4	1	1	1		10807	7237	13114	6339	5709	4180	5634	5129	3229	3837	2715	2130
AT3G16270.1	ENTH/VHS family protein	1.16E-02	8.80	68	3	0	1	1		1396	883	2366	6335	2778	2811	903	0	256	725	0	0
AT1G80210.1	BRCC36A, AtBRCC36A - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.18E-02	2.10	37	3	0	1	1		4512	2496	4730	4052	3386	3232	1829	3421	581	2525	1477	842
AT4G38710.1	glycine-rich protein	1.22E-02	2.16	53	3	0	1	1		50040	52350	40456	50909	26184	46939	9453	7830	11224	11886	43922	39430
AT3G02230.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	1.25E-02	2.52	45	1	1	2	2		3451	9306	5080	10744	10347	8873	4534	3892	2849	5148	934	1642
AT5G54810.1	TSB1, TRP8, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	1.27E-02	2.08	129	2	1	2	2	AT4G27070.1	16113	22599	39272	50107	27290	37721	22939	21795	13352	16868	10060	8026
ATMG00285.1	NAD2A, NAD2.1, NAD2 - NADH dehydrogenase 2A	1.29E-02	2.82	22	3	2	1	1		10946	9678	20654	21548	15551	18840	13914	16487	1832	982	682	639
AT1G21750.1	ATPDIL1-1, ATPDI5, PDI5, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	1.30E-02	2.67	36	0	0	1	1		9314	8596	9500	10345	11375	6295	5160	799	4967	6773	533	2534
AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.35E-02	2.71	52	14	7	1	1		32334	46209	37528	44174	26334	26643	15487	17170	16852	24044	3241	1974
AT3G29400.1	ATEXO70E1, EXO70E1 - exocyst subunit exo70 family protein E1	1.38E-02	2.35	89	2	0	1	1		9966	10515	4772	2167	6785	7275	3456	2729	3237	2982	2065	3218
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	1.45E-02	2.26	28	1	0	1	1		4513	5669	4833	7511	2146	6223	3492	2365	1086	1701	4067	963
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	1.53E-02	2.04	56	0	1	1	1		33477	33534	34068	41869	34706	33819	25677	24682	22984	19100	4721	5425
AT5G60360.1	SAG2, AALP, ALP - aleurain-like protease	1.54E-02	2.67	23	1	1	1	1		14368	9887	13699	10079	7952	5635	5586	7286	2956	4847	522	1852
AT4G14090.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.54E-02	2.43	20	0	0	1	1		35568	22846	59911	54418	35845	35318	27851	23540	22626	16782	5596	3980
AT2G40010.1	Ribosomal protein L10 family protein	1.54E-02	2.19	24	0	1	1	1	AT3G09200.1	7845	4065	12047	10870	8490	7051	2793	6962	6112	3314	2560	1208
AT1G18630.1	EMB2256 - ribosomal protein L2 family	1.63E-02	2.54	20	0	0	1	1		4107	5678	9855	7473	5944	5260	5548	3764	4668	2387	1436	1439
AT2G32630.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	1.68E-02	2.52	20	3	0	1	1		31073	23738	39178	38676	38749	26207	26398	37045	4592	7119	1618	1717
AT4G04910.1	NSF - AAA-type ATPase family protein	1.68E-02	2.35	66	2	1	1	1		12021	17590	24311	31773	18262	18073	14164	10127	10930	10938	4016	1779
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	1.68E-02	2.01	53	0	0	1	1		54848	46256	115244	131115	93190	69287	44526	69929	51920	31652	20066	35936
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	1.68E-02	5.31	32	0	2	1	1		3625	2393	4309	4522	2527	2049	975	2206	0	479	0	0
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	1.74E-02	2.47	93	1	1	3	3	AT1G12900.1	68799	50038	105410	100892	64595	37879	49478	40524	32271	34059	6377	10237
AT1G03060.1	SPI - Beige/BEACH domain ;WD domain, G-beta repeat protein	1.76E-02	2.07	24	22	6	1	1		7523	9122	8567	10445	8721	10339	6736	3565	6785	6456	991	1920
AT1G56410.1	Protein of unknown function (DUF3133)	1.81E-02	3.38	60	17	3	1	1		35022	12162	12101	65015	38242	48603	4254	6122	6985	9191	23303	45266
AT5G18400.1	Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1, Fe-S biogenesis	1.82E-02	2.29	33	0	0	1	1		10782	11263	11719	15464	13281	12325	6339	8975	7061	6457	3030	765
AT2G27710.1	60S acidic ribosomal protein family	1.90E-02	2.37	190	1	0	3	2	AT2G27720.2	237597	267952	315368	381021	174581	197172	135966	113384	172056	189727	21546	32520
AT5G60640.1	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	2.04E-02	2.66	39	3	2	1	1		10869	15437	21861	23234	15819	17087	8463	7974	5764	14567	1857	594
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	2.06E-02	2.08	22	1	0	1	1		36311	32655	56732	62753	37153	31983	20709	18779	37716	32260	5595	8861
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	2.13E-02	2.16	61	2	0	1	1		22410	23650	40095	43099	43360	45173	22170	18452	25282	23263	7582	3904
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	2.14E-02	3.82	29	1	0	1	1		878	1487	10822	11707	355	823	2739	4086	0	0	0	0
AT3G60750.1	Transketolase	2.15E-02	2.43	43	3	6	1	1		33079	35666	70972	83139	23723	28458	31707	46934	9827	10752	6095	8077
AT5G20010.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	2.20E-02	2.25	20	0	1	1	1		15044	15764	13765	13054	8929	8297	8901	9461	7014	5008	1019	1871
AT2G38060.1	PHT4;2 - phosphate transporter 4;2	2.24E-02	2.50	22	4	2	1	1		33535	33045	36425	44839	37869	42971	27030	26795	15710	15633	5094	1324
AT1G22800.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.43E-02	2.48	25	2	0	1	1		67179	65306	103592	93306	76821	80425	59032	57180	42353	28848	4081	4521
AT2G24120.2	PDE319, SCA3 - DNA/RNA polymerases superfamily protein	2.44E-02	2.20	27	3	1	2	2		24398	19197	14462	12796	14622	14937	1181	2302	6473	7401	9764	18518
AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein family	2.47E-02	2.20	206	1	0	2	1		3802983	4606792	4234101	4612492	2846669	3166850	2273574	2198640	2748274	2617701	371962	384364
AT1G79280.1	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	2.50E-02	6.40	38	10	3	1	1		14042	24935	8906	11140	3639	17825	753	190	0	0	6186	5453
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	2.56E-02	2.01	20	1	0	1	1		107280	109373	83044	89260	102923	127249	59045	88467	62755	56878	8994	31820
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	2.57E-02	2.50	91	2	0	2	2		25863	45116	58195	66651	27021	21607	22523	26843	23734	16620	3343	4624
AT1G70770.1	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	2.63E-02	2.14	41	2	0	1	1		129380	122612	101287	101021	94558	87394	54657	57094	89670	75658	9996	10576
AT1G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.73E-02	2.20	32	0	2	1	1		42442	38174	70011	71806	28818	27737	30421	36940	22266	24130	6295	6901
AT1G72370.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	2.79E-02	2.30	28	1	1	1	1		26243	22278	33479	28503	19493	15825	21201	18352	10588	9771	1675	1911
AT4G36630.1	EMB2754 - Vacuolar sorting protein 39	2.85E-02	3.19	26	5	0	1	1		17738	18828	47956	65090	11292	11870	14955	9448	12669	12032	2144	2948
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	2.92E-02	2.23	39	0	0	1	1		5778	5448	6794	11191	11562	9007	6863	5072	989	7825	832	1218
AT4G34930.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	3.03E-02	2.77	22	3	1	1	1		39785	35884	43068	34417	25730	27292	18820	11333	21441	19594	2852	502

AT2G35110.1	GRL, NAP1, NAPP - transcription activators	3.05E-02	2.33	26	9	4	1	1		769994	1029446	667732	808601	798896	869676	605690	655472	353630	422113	44811	44466
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	3.16E-02	2.14	192	1	2	6	6		301175	370256	505063	532912	221693	266223	255129	292603	196746	194027	38031	51156
AT5G35360.1	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	3.33E-02	2.33	66	2	0	1	1		49949	56739	108046	128652	40267	34332	65514	55483	22676	18050	9549	8467
AT2G16485.1	nucleic acid binding;zinc ion binding;DNA binding	3.37E-02	2.22	22	11	7	1	1		276120	254683	170077	176126	224857	231578	188114	171283	103390	107615	18498	11664
AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	3.41E-02	2.57	93	1	0	4	4		783917	617158	1049597	1113764	279622	314898	393559	364957	354245	361277	85003	57304
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	3.51E-02	2.15	41	2	2	1	1		10535	14421	19179	32147	8461	11807	10791	8930	8333	11260	3155	2335
AT3G16060.1	ATP binding microtubule motor family protein	3.66E-02	9.19	24	2	2	1	1		48769	32894	31411	35213	24370	25487	4673	5370	3970	6439	0	1100
AT3G53900.1	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	3.72E-02	2.09	84	1	1	3	3	AT3G53900.2	107015	95294	158182	180189	111412	117474	88381	83700	89639	82501	12452	11159
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	3.76E-02	2.07	44	3	3	1	1		7836	5474	11054	12548	6054	5367	4767	6379	4306	5263	1898	731
AT1G36160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	3.80E-02	2.05	51	5	9	1	1		3102	4128	4644	4435	4228	4992	5196	2638	2677	1236	214	481
AT3G02360.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	3.93E-02	2.00	42	1	1	1	1		5820	5576	8197	6823	6785	6538	6162	4560	4820	3065	479	762
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	3.94E-02	2.21	25	1	0	1	1		36361	54411	87096	105550	44411	55360	37965	43390	38830	40833	7395	5315
AT3G56660.1	BZIP49 - basic region/leucine zipper motif protein 49	3.99E-02	2.24	24	5	1	1	1		8812	6537	7860	5104	11745	11289	7563	7077	4285	2485	322	1180
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	4.33E-02	7.10	37	1	4	1	1		703	3088	4481	11062	1415	2713	928	852	1107	417	0	0
AT3G05340.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.40E-02	2.08	21	2	1	1	1		10348	6297	5231	2543	5535	3193	2157	992	4282	4648	908	2964
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	4.60E-02	5.08	39	2	0	1	1		2107	3991	7919	10176	506	237	0	2391	1637	884	0	0

Tabelle B15-b

6-7h

										Normalized abundance										
										DD						KR				
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	4.80E-07	0.40	366	2	0	5	5		214693	182698	251179	282000	203223	211164	528328	568365	517838	491136	695222	555348
AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.30E-07	0.46	82	3	1	1	1		10311	10242	8376	10661	10389	12631	25244	22937	25469	22773	19105	19953
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	1.79E-06	0.35	141	6	1	3	3		15891	19079	22412	24484	29675	26376	59347	67632	61801	53174	73402	73727
AT3G01500.2	CA1 - carbonic anhydrase 1	2.38E-06	0.46	92	2	0	2	2	AT3G01500.1	52127	58665	76042	83379	76212	76775	133084	164477	161684	154227	148138	151881
AT5G19140.1	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	4.02E-05	0.44	201	3	1	3	3	AT5G19140.2	31835	33908	55005	59860	47723	44841	113755	116882	104560	112896	86970	82874
AT3G11780.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein / ML domain-containing protein	4.11E-05	0.45	46	0	2	1	1		952	1395	1204	790	1067	1294	2726	1692	2422	2880	2544	2689
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	1.17E-04	0.40	100	0	1	2	2		28198	39739	30042	25867	28833	40768	66386	73295	54994	63405	118548	104533
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	1.44E-04	0.45	104	3	2	2	2		29232	27085	19021	18871	32261	26051	40095	53314	49539	49410	70905	74951
AT1G62380.1	ACD2, ATACD2 - ACC oxidase 2	1.62E-04	0.49	55	1	0	1	1		5720	6761	4174	5858	6507	4877	8040	10571	12207	13389	9654	15203
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	1.95E-04	0.43	33	2	0	1	1		34391	23455	20726	19377	24132	23973	33991	53860	52962	60523	51752	83265
AT3G19350.1	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	2.02E-04	0.10	109	8	2	5	5		11638	18631	8770	14962	11274	10801	55144	48167	55678	56256	274760	249013
AT4G21870.1	Phosphatidylcholine/phosphatase and lipid translocator superfamily protein	2.26E-04	0.58	72	0	0	1	1		16165	16796	6557	7427	9417	8159	18629	17939	23607	20110	26863	26027
AT5G57110.1	ACA8, AT-ACA8 - autoinhibited Ca2+ -ATPase, isoform 8	2.40E-04	0.03	70	3	3	1	1		0	799	0	0	0	0	860	949	2178	1442	8238	11954
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.30E-04	0.32	749	19	11	12	12		192490	203036	166519	150103	159806	204082	284677	308643	456529	481739	899501	899332
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	7.63E-04	0.44	71	2	5	2	2	AT3G55410.1	11912	12139	14785	5756	11970	16677	23181	25210	23095	24379	28173	41718
AT2G30520.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	7.75E-04	0.44	155	0	1	4	4		34138	28138	11353	12017	22530	21957	52638	49093	40539	49029	49401	53856
AT3G09260.1	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LEB - Glycosyl hydrolase superfamily protein	8.17E-04	0.31	34	2	2	1	1		1367	1830	1527	1874	2579	1005	5500	3196	2837	4140	9570	7663
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	9.81E-04	0.42	60	2	2	1	1		9486	5291	5635	9190	11906	8232	17422	20435	17901	11910	33212	17720
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	1.74E-03	0.47	161	0	0	1	1		188258	116138	128268	95723	189898	142495	235684	213028	268072	243907	381029	508403
AT3G44850.1	Protein kinase superfamily protein	1.80E-03	0.44	21	0	0	1	1		7208	9108	21663	18863	12617	7874	29302	39710	35287	24680	25227	21555
AT3G25690.1	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1.97E-03	0.44	106	6	3	1	1		7264	7472	6915	4024	9540	8462	7836	15100	16164	17533	21635	20571
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	2.01E-03	0.49	24	2	0	1	1		5175	3072	3565	3679	6239	4211	7387	5600	6641	9065	12888	11270
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	2.04E-03	0.49	39	6	1	1	1		1256	1761	1318	1470	1730	2230	3648	3843	1986	4654	2137	3711
AT1G06680.1	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	2.10E-03	0.48	26	2	2	1	1		14389	15532	21186	24813	20481	18439	28530	29079	30919	30956	55313	63085
AT1G15290.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.33E-03	0.38	145	10	5	2	2		18413	14448	11136	7556	11907	13114	20425	18303	28009	27072	51356	54827
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	2.67E-03	0.50	40	1	1	1	1		14707	9237	26470	21560	11276	10446	25327	24187	34813	29029	34177	39875
AT4G21245.1	unknown protein	2.77E-03	0.45	72	0	0	1	1		26133	22730	17331	19728	25482	18405	31851	29158	34430	48681	79180	64629
AT2G38280.1	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	2.80E-03	0.15	51	5	4	1	1		15565	15420	8620	9639	13915	14925	30480	29112	35150	35645	224425	152659
AT2G25830.1	YebC-related	2.99E-03	0.39	62	1	1	1	1		7208	8203	3499	4060	6695	7288	10205	9848	11939	12344	29747	21275
AT1G67230.1	LINC1 - little nuclei1	3.08E-03	0.40	22	3	4	1	1		1756	1807	1554	703	1874	1385	2211	2806	2637	3805	3977	7089
AT5G09900.1	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	3.32E-03	0.39	22	0	2	1	1		4513	4061	8182	6013	9094	7446	11400	9127	12615	13374	26999	28555
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	3.56E-03	0.44	63	1	5	1	1		13843	20926	17408	12790	11052	9076	19486	16954	31267	39745	46007	38254
AT2G42330.1	COR15B - cold regulated 15b	3.88E-03	0.44	28	0	0	1	1		13433	8871	5450	4839	9753	9962	13412	14855	14001	17973	31744	27450
AT3G54360.1	zinc ion binding	4.00E-03	0.46	31	0	1	1	1		1583	2247	1390	2249	799	2388	4608	2976	2274	3544	4358	5571
AT5G41190.1	unknown protein	4.05E-03	0.28	187	1	1	2	2		40382	34043	20133	28424	33154	30965	49817	48407	69122	73005	226148	192018
AT4G14740.1	Plant protein of unknown function (DUF828) with plant pleckstrin homology-like region	4.09E-03	0.36	51	3	3	1	1		2500	1586	1487	2177	3755	3483	4446	3751	4933	5217	9287	14435
AT1G49780.1	PUB26 - plant U-box 26	4.14E-03	0.31	21	0	1	1	1	AT3G19380.1	13821	8707	14612	9655	17633	10301	15041	15291	57294	49732	50538	55091
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	4.64E-03	0.44	137	4	4	2	2		27166	22440	30675	32890	37684	31577	39441	47293	51622	50422	125203	100996
AT5G09810.1	ACT7 - ACTIN 7	4.68E-03	0.48	90	0	0	2	1	AT3G12110.1;AT2G37620.1	4694	24134	16894	10875	26848	30781	39503	34455	50036	44452	64803	52412
AT3G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	4.99E-03	0.47	34	3	2	1	1		7514	10701	16814	17875	10898	10320	21107	21659	18015	17533	44409	36138
AT1G45201.1	ATTLL1, TLL1 - triacylglycerol lipase-like 1	5.10E-03	0.28	59	1	1	1	1		16695	17031	4528	6110	12342	18206	27473	26101	26713	22858	84258	82596
AT3G27620.1	AOX1C - alternative oxidase 1C	5.21E-03	0.35	23	1	0	1	1		23394	23475	7832	26824	26860	16695	35194	30660	46159	47151	83676	114950
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	5.76E-03	0.48	71	2	0	1	1		59306	56970	75984	85865	48745	74192	101000	94583	90892	107763	235460	202835
AT5G49510.1	PFD3 - prefoldin 3	5.86E-03	0.35	53	1	1	1	1		3555	3100	3324	4186	3596	5257	5933	6715	7769	5247	18132	21328
AT2G05070.1	LHCB2.2, LHCB2 - photosystem II light harvesting complex gene 2.2	5.87E-03	0.49	59	0	2	1	1	AT2G05100.1	43485	33745	38801	24913	43764	40982	91265	118288	80278	82573	47920	39662
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	6.37E-03	0.41	95	1	7	3	3		10435	13375	12348	10302	10840	12182	17855	15182	16274	25536	35518	61033
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	6.38E-03	0.09	67	16	4	1	1		1184	1279	364	1118	516	998	1609	2452	4478	2154	19487	28331
AT1G75100.1	JAC1 - J-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	6.50E-03	0.27	114	5	3	1	1		31183	38551	30116	32491	35990	32616	47968	57497	68424	66174	262943	231674
AT2G39800.1	PSCS1, ATPSCS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	6.54E-03	0.46	49	1	1	1	1		18236	8190	15063	5495	16712	14257	29316	15798	29470	21897	30127	42726
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.99E-03	0.45	160	7	7	2	2		28047	27679	24479	21568	30886	25777	43839	34727	38030	38650	84211	110924
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	7.50E-03	0.33	32	1	0	1	1		1814	1799	1720	1474	2598	2056	3119	3544	2825	3155	11948	10638
AT5G15840.1	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	7.58E-03	0.49	68	2	0	2	2		131361	149294	100926	116016	109720	115285	146195	172914	176537	189865	370350	428914
AT3G61260.1	Remorin family protein	7.95E-03	0.25	92	1	3	2	2		18161	28332	20634	16634	41072	27919	33484	40597	72988	54458	210228	210742
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	8.61E-03	0.43	129	0	0	1	1		375020	414517	421789	428832	409044	389683	600512	429988	660888	790561	1617864	1626533
AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated family protein	9.08E-03	0.45	126	5	1	3	3	AT1G56220.4	102373	86368	89363	54003	69965	54832	106871	92352	134836	125582	273011	292566
AT1G35460.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	9.25E-03	0.41	74	2	0	1	1		1278	2483	2972	3451	3015	4113	4207	4085	4906	5386	12068	11767
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	9.39E-03	0.38	69	6	0	3	3		4294	27970	6817	8754	13797	18139	14074	27719	37354	44878	48496	35118
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	9.44E-03	0.43	95	1	1	2	2		30753	41641	26238	41497	42394	44894	52483	56657	57442	55820	160478	141140
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrir	9.46E-03	0.24	24	6	2	1	1		753	451	455	596	1961	1818	2634	2447	1455	1725	11504	5286
AT1G48600.1	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	9.54E-03	0.42	55	2	1	1	1	AT1G48600.2	18036	17285	3177	12490	18275	20006	30647	34656	28035	26081	38850	54356
AT5G56000.1	Hsp81.4, AtHsp90.4 - HEAT SHOCK PROTEIN 81.4	9.93E-03	0.40	87	2	0	1	1	AT5G56010.1	18681	21952	13580	6003	31908	23130	27247	37894	35371	34513	84399	70612
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	1.02E-02	0.49	33	3	1	1	1		16790	15059	11295	10142	9313	9664	14478	18627	17223	18544	44722	33242
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	1.04E-02	0.27	47	0	0	1	1		12880	6792	5426	11889	5436	12467	19877	18038	22569	18405	24190	16010	80293
AT5G16940.1	carbon-sulfur lyases	1.10E-02	0.07	33	0	0	1	1		1099	4454	2535	4462	3853	3027	2736	4049	81187	86172	42769	47458
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.10E-02	0.36	208	12	0	3	3		205455	152244	160739	125783	153226	162082	248574	219258	255953	255614	822402	897727
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.11E-02	0.13	103	22	9	2	2		41010	27095	26957	24377	27077	26777	43768	34961	77618	163060	442557	616037
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	1.12E-02	0.43	284	4	0	5	5		319946	321442	166380	175554	240267	258989	311316	273477	481968	492813	1026071	853724
AT5G22800.1	EMB86, EMB1030, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	1.15E-02	0.45	47	5	2	1	1		2481	3566	4749	5569	1015	4391	6300	7964	5938	6169	13540	8218
AT4G10340.1	LHCB5 - light harvesting complex of photosystem II 5	1.17E-02	0.49	93	1	1	2	2		27301	26371	17789	22070	23788	37508	42400	26061	27683	55115	53228	
AT3G10380.1	SEC8, ATSEC8 - subunit of exocyst complex 8	1.17E-02	0.38	32	3	5	1	1		10063	8952	7039	5320	8021	7034	13455	10156	11968	11879	26100	47748
AT3G08940.2	LHCB4.2 - light harvesting complex photosystem II	1.19E-02	0.48	73	2	1	2	2	AT5G01530.1	23560	17856	7365	5354	19805	20154	44229	35449	23620	23847	36384	31040
AT3G60320.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	1.20E-02	0.19	21	8	3	1	1		1141	8818	1296	3223	2604	7753	7210	6936	8872	10862	41821	55716
AT5G13940.1	unknown protein; has 36803 Blast hits to 37322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	1.25E-02	0.44	24	0	0	1	1		14264	8238	14284	10745	15585	13472	26068	13066	32436	36430	106284	106808
AT5G12430.1	TPR16 - Heat shock protein Dnaj with tetratricopeptide repeat	1.26E-02	0.49	20	4	4	1	1		8538	5211	16234	8685	17186	17974	29007	17005	31076	35433	15179	21788
AT4G38130.1	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 - histone deacetylase 1	1.27E-02	0.35	97	0	2	1	1		28591	29893	15466	16001	24171	26457	34411	29494	40887	42806	112313	141489
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	1.27E-02	0.38	382	0	1	6	6		508117	634795	310680	372339	470292	516740	554202	621640	916323	832619	2323289	2240712
AT2G22670.1	IAA8 - indoleacetic acid-induced protein 8	1.28E-02	0.30	28	4	1	1	1		5415	5680	6253	3326	4547	2791	9145	4728	9120	9701	24975	36464
AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	1.30E-02	0.36	63	5	1	1	1		63350	66371	37116	40533	55427	49229	69478	70934	108304	76232	308538	238590
AT5G64040.1	PSAN - photosystem I reaction center subunit PSI-N, chloroplast, putative / PSI-N, putative (PSAN)	1.30E-02	0.44	58	0	0	1	1		43116	46732	34316	38068	62640	55365	69160	67862	96587	96834	193898	139204
AT5G47480.1	RGPR-related	1.31E-02	0.14	115	14	5	2	2		13540	23087	13337	15294	10140	16970	29351	31851	31386	28734	286817	270606
AT3G57180.1	BPG2 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.31E-02	0.32	45	1	1	1	1		5328	6022	5091	4464	5791	6169	5879	7046	10383	14410	33516	31718
AT2G45470.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	1.32E-02	0.49	53	8	3	1	1		6351	8623	10553	9444	9950	8245	13368	12855	12766	10309	36366	23068
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	1.33E-02	0.37	773	4	5	12	12		749383	713218	455033	505692	635254	683681	780784	762890	1129062	1161752	3277487	2916907
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	1.33E-02	0.37	24	1	1	1	1		1881	8972	2719	4268	4977	6999	5040	11793	8708	11775	27170	16237
AT3G54760.1	dentin sialophosphoprotein-related	1.36E-02	0.28	54	4	1	1	1		6181	11305	3945	4406	5089	5667	8332	10532	12196	9829	30049	57914
AT1G58050.1	RNA helicase family protein	1.42E-02	0.39	21	7	2	1	1		184821	143400	132085	108296	155419	157573	154871	137569	626601	516780	388474	438008
AT3G06730.1	TRX P, TRX z - Thioredoxin z	1.42E-02	0.50	36	3	1	1	1		9621	13143	12547	12107	20468	15086	20109	18058	18340	19683	53371	36651
AT5G13970.1	unknown protein	1.46E-02	0.29	350	2	0	5	5		105392	94838	72587	70187	74418	88311	111024	123230	156635	146678	616347	596120
AT1G71270.1	POK, TTD8, ATVPS52 - Vps52 / Sac2 family	1.46E-02	0.00	30	0	0	1	1		0	0	0	0	0	0	0	0	300	236	11277	9059
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	1.48E-02	0.49	48	1	2	1	1		14702	14378	9622	12600	14821	16459	17371	13813	22069	25627	45942	45418
AT2G17390.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing 2B	1.52E-02	0.31	80	3	2	2	1		7265	6091	3654	3504	6248	5967	7597	7833	9761	9206	37367	34756
AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.58E-02	0.32	44	0	1	1	1		10893	6468	10499	6034	10656	11077	8189	9611	41520	41749	36830	33707
AT1G72040.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.58E-02	0.30	36	2	4	1	1		6938	4082	2788	2932	5022	5861	5428	5483	10342	10894	33956	26973
AT5G51120.1	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	1.58E-02	0.27	54	0	1	1	1		3807	1325	2007	1296	2143	2583	4389	2764	2625	5838	17208	15112
AT1G03310.1	ATISA2, ISA2, DBE1, BE2 - debranching enzyme 1	1.59E-02	0.35	79	6	1	2	2		7404	6174	3850	4418	11152	7927	6663	12191	15686	10888	36505	35226
AT4G29990.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase protein	1.60E-02	0.49	20	3	4	1	1		4361	2518	2701	872	3162	2575	5983	5425	8349	3781	3186	6479
AT5G02500.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	1.65E-02	0.47	61	0	2	1	1		4661	6217	3495	3998	3165	4021	6220	7643	4497	5922	12145	17914
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	1.65E-02	0.42	119	0	0	3	3		35482	28393	43287	49556	39298	37624	40068	48159	61427	68360	174373	125365
AT3G50670.1	U1-70K, U1SNRNP - U1 small nuclear ribonucleoprotein-70K	1.77E-02	0.28	23	0	0	1	1		3255	2340	1839	1775	3069	2977	3031	4397	3755	5142	20996	16728
AT5G13560.1	unknown protein	1.77E-02	0.26	61	6	1	2	2		9393	11416	7374	10304	14763	11913	9343	16092	24675	33367	103330	65778
AT5G18570.1	EMB269, ATOBGC, CPSAR1 - GTP1/OBG family protein	1.81E-02	0.50	48	2	1	1	1		27423	26447	38227	28046	36396	33090	35164	38447	40233	58993	103037	106719
AT3G53130.1	LUT1, CYP97C1 - Cytochrome P450 superfamily protein	1.81E-02	0.50	61	4	0	1	1		14858	32178	11211	12885	15436	27958	32169	37482	21737	22837	56152	60175
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	1.82E-02	0.28	49	6	2	1	1		5124	4737	729	1466	3397	3963	5414	7663	4786	5469	26705	20423
AT4G13200.1	unknown protein	1.82E-02	0.11	56	2	0	1	1		760	603	958	963	2093	2368	1786	3259	3035	2301	32784	29111
AT4G15545.1	unknown protein	1.83E-02	0.34	297	2	5	5	5		646463	654992	465466	538034	701506	609949	620646	746748	1219231	1258594	4115716	2772715
AT4G35450.1	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	1.84E-02	0.34	78	1	2	2	1		10842	12200	6672	8318	12064	10962	12717	13588	16847	18417	73706	43539
AT4G34920.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	1.86E-02	0.33	47	1	1	1	1		48956	51707	26196	30200	57695	56656	65089	67074	67772	73087	319870	235910

AT1G47550.1	SEC3A - exocyst complex component sec3A	1.90E-02	0.34	40	1	2	1	1		6042	5136	2836	4745	7916	7064	9500	10086	7612	7951	45824	18896
AT3G59130.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	1.90E-02	0.22	20	0	0	1	1		9445	10791	9096	9193	12137	8841	8617	8734	80515	68826	46000	60544
AT3G27370.1	RPS3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.90E-02	0.23	156	0	0	3	3		37738	30947	21298	19096	18103	18602	32908	28479	59940	49099	240276	232096
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	1.98E-02	0.26	142	1	3	4	1		2823	1903	2723	1116	3594	2816	2184	5102	8740	3666	21128	17623
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	1.98E-02	0.44	46	0	2	1	1		14414	8551	14102	9882	13802	12412	26078	19071	12470	15128	34644	60207
AT3G54350.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	1.99E-02	0.45	66	2	0	1	1		2252	6681	4640	2855	5488	3830	5395	5738	6776	6794	13356	19564
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	2.00E-02	0.44	40	1	0	1	1		63819	56844	38215	38662	45220	54298	57427	55926	78062	86856	210087	190740
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	2.02E-02	0.32	29	2	0	1	1		2690	4295	2510	3086	3285	2440	3307	4001	4799	7239	17962	20662
AT4G04890.1	PDF2 - protodermal factor 2	2.04E-02	0.10	33	2	2	1	1		0	1334	0	0	860	602	1611	1081	3594	504	6388	14948
AT5G58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	2.09E-02	0.42	133	2	8	3	1		6032	5046	7209	6875	9221	6411	11514	8428	9328	8384	30807	29496
AT5G58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	2.12E-02	0.47	35	3	0	1	1		2959	4501	2845	1791	2372	2337	3813	3603	4458	3429	9254	11463
AT2G04030.1	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	2.13E-02	0.45	30	4	3	1	1		8664	7550	6625	7068	11683	11695	10256	10710	14836	13318	40130	29283
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	2.14E-02	0.35	338	2	7	5	5		5275182	4322497	3237036	2730403	3593466	3071611	6042997	4539450	5341255	5498683	16743030	25010741
AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	2.15E-02	0.12	34	3	1	1	1		1820	1612	335	677	915	1351	2167	1144	5828	3896	20904	24151
AT5G12440.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like/Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	2.16E-02	0.36	204	0	0	3	3	AT5G19510.1;AT2G18110.1	42234	47477	19556	32195	30658	32808	58146	43175	68508	60541	244146	234268
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	2.20E-02	0.32	64	0	0	1	1		9241	8824	5257	8324	9488	6605	11686	10756	13781	10565	55506	48872
AT1G29910.1	CAB3, AB180, LHCB1.2 - chlorophyll A/B binding protein 3	2.21E-02	0.49	23	4	0	1	1		24367	9251	14376	8144	26849	18039	51189	37639	49010	28931	21046	17693
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	2.27E-02	0.20	88	5	4	3	3		12114	7904	8202	5405	11097	8970	12102	13469	15779	16922	97994	109091
AT5G48300.1	ADG1, AP51 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	2.27E-02	0.30	32	2	0	1	1		951	0	2053	12335	0	0	4145	16357	6121	8005	5562	11759
AT1G15730.1	Cobalamin biosynthesis CobW-like protein	2.27E-02	0.49	44	1	0	1	1	AT1G80480.1	11799	9005	11532	10895	17572	11968	15136	17051	16419	14821	48258	35712
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	2.27E-02	0.45	39	1	3	1	1		128385	171567	107288	136992	118874	147307	134000	190149	204416	203164	556735	499875
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	2.30E-02	0.21	68	3	2	1	1		218	609	117	267	262	201	176	453	1389	1885	775	3482
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	2.34E-02	0.41	97	3	0	2	2		13239	12241	4822	4867	8481	10876	11186	12307	15262	13720	45224	33709
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	2.38E-02	0.28	61	1	3	1	1		12576	16316	5923	7811	14079	18844	14549	15941	23417	26853	104904	83593
AT5G24930.1	Acetyltransferase-like, C-terminal-like/Ypsl6 family COG0718	2.44E-02	0.25	78	0	0	1	1		4234	4241	3854	4738	6166	5550	8184	6293	13631	5188	25869	34392
AT1G37210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	2.45E-02	0.15	71	6	3	1	1		7931	8761	3713	5238	10209	8560	10344	9299	17029	16264	98492	145995
AT3G26935.1	DHHC-type zinc finger family protein	2.45E-02	0.37	20	3	2	1	1		12344	10631	7974	6099	7876	4846	8449	9899	18760	13671	41658	42285
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	2.47E-02	0.40	196	3	4	4	2		154549	164884	131272	118539	154419	143868	170056	193104	186879	238495	754930	644559
AT1G70400.3	unknown protein	2.51E-02	0.25	27	0	1	1	1		10523	7285	2841	2493	11910	7996	6403	7499	55961	51894	28135	21268
AT5G52310.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein	2.53E-02	0.45	314	9	3	4	4		1308734	1185170	800238	765107	849696	894297	1159664	1197236	1363876	1369151	3920228	3778985
AT5G10470.1	KCA1, KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	2.54E-02	0.46	82	9	4	2	2	AT5G10470.2;AT5G65460.1	19151	28512	17983	25984	20797	23767	24357	34401	29270	31972	99981	73406
AT3G43470.1	zinc ion binding;nucleic acid binding	2.55E-02	0.47	20	1	1	1	1		2855	838	2054	2269	4606	1481	8078	7243	2309	5011	3832	3552
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	2.55E-02	0.25	37	1	0	1	1		2740	3516	2908	2933	4877	3176	4700	3869	6143	5860	33122	25708
AT3G59410.1	GCN2 - protein kinase family protein	2.56E-02	0.36	20	5	4	1	1		752	2223	607	2098	1173	1545	1885	2741	1843	1896	8082	6808
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	2.58E-02	0.37	117	3	7	2	2		91488	76323	51295	49284	63616	64786	84438	76113	112911	97929	396994	311857
AT2G33835.1	FES1 - Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.60E-02	0.07	22	0	2	1	1		1996	2324	1477	694	395	1233	5012	917	3541	4081	72517	37370
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	2.66E-02	0.48	84	1	0	1	1		19962	18805	13145	11650	15291	15475	17945	16885	26732	21683	54370	57797
AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.69E-02	0.24	122	6	1	2	2		15781	32940	13556	11560	20697	27858	19421	33307	41242	37416	209197	164318
AT5G25230.1	Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	2.70E-02	0.40	46	4	5	2	1		68472	83595	55706	59680	57070	63160	75600	79037	95914	96115	318735	300185
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	2.71E-02	0.46	48	5	0	1	1		7034	5436	2255	2709	6135	9206	7473	7999	9865	6426	19968	19447
AT1G06220.1	MEE5, CLO, GFA1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	2.72E-02	0.40	507	4	5	6	5		1645285	1991126	1069733	1327531	1563658	1592831	1764809	1650419	2527056	2580758	7859959	6844141
ATCG00340.1	PSAB - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	2.72E-02	0.49	45	0	2	1	1		12846	10125	3392	3940	10526	12283	21527	22249	11608	11283	29087	12038
AT1G67950.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.74E-02	0.39	21	2	1	1	1		10155	21746	8402	13388	16439	18229	16845	16182	23107	29146	71171	70688
AT1G01620.1	PHYD, PHY-D - phytochrome intrinsic protein 1.5	2.74E-02	0.47	61	0	2	1	1	AT1G01620.1	4268	4178	2740	3447	4208	5267	5251	5107	6796	4985	11409	12281
AT5G61140.1	U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase	2.77E-02	0.47	50	3	5	1	1		6951	6139	6004	6813	7082	8111	9455	9616	8472	7493	25134	26502
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	2.77E-02	0.23	66	1	0	1	1		4763	1689	2118	3342	3313	4833	6631	7779	2128	9244	31942	31275
AT4G33630.1	EX1 - Protein of unknown function (DUF3506)	2.80E-02	0.39	71	3	4	2	2		37111	36460	23751	21519	35030	32223	40756	32805	50833	46570	156410	154626
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.83E-02	0.27	52	2	2	1	1		5351	7291	12100	13118	16264	9958	15470	15183	15231	16737	90434	80010
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	2.89E-02	0.46	40	1	0	1	1		186783	177523	154411	171436	206566	209721	176822	186739	339121	320989	712587	665830
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	2.91E-02	0.38	67	2	0	2	1		8273	16098	6057	5840	8502	11721	11617	11022	15823	14201	41505	55182
AT5G20610.1	unknown protein	2.91E-02	0.48	54	6	3	1	1		22739	15134	14075	24878	16841	22724	25070	21258	29095	25357	81185	58573
AT1G08190.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	2.97E-02	0.45	53	2	0	1	1		31578	30996	23354	21610	34158	32582	29078	33800	46605	45818	127152	104292
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	3.00E-02	0.16	34	6	4	1	1		196	1302	965	914	1240	465	630	1124	3094	2626	10042	14463
AT1G55860.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	3.02E-02	0.10	144	18	6	2	2		1437	1335	3877	1379	598	902	1847	2080	3022	4615	37186	44721
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	3.04E-02	0.48	98	1	1	1	1		125853	125769	78008	90121	129792	157297	114626	145733	183919	179341	445591	401783
AT2G32980.1	unknown protein; Has 158 Blast hits to 154 proteins in 73 species: Archae - 0; Bacteria - 61; Metazoa - 0; Fungi	3.04E-02	0.29	44	0	2	1	1		22350	18182	5325	9466	11684	19166	20794	22678	16641	25403	115434	92527
AT1G64330.1	myosin heavy chain-related	3.07E-02	0.25	21	0	0	1	1		2184	3497	2892	1341	3259	2832	3486	3615	4356	4269	24289	24302
AT4G19220.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.07E-02	0.42	24	4	2	1	1		230447	227803	181701	163603	176936	171986	247557	228840	269691	248697	911166	824785
AT4G13740.1	unknown protein	3.08E-02	0.09	70	0	0	2	2		4352	6068	3077	4574	6547	8458	11632	7383	13982	7697	24833	46054
AT1G50120.1	unknown protein	3.10E-02	0.31	42	7	3	1	1		9150	6953	2423	4114	8167	8164	8692	7378	10829	11783	51129	34058
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	3.11E-02	0.49	259	1	4	5	2		124929	110975	63792	56873	114545	111913	117025	115179	152939	124258	355586	333345
AT3G25120.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17/Tim22/Tim23 family protein	3.12E-02	0.37	23	3	2	1	1		17296	9017	14228	13158	13117	11582	18429	15614	22797	14705	59762	78106
AT3G22190.1	IQD5 - IQ-domain 5	3.19E-02	0.48	23	1	1	1	1		205	1847	817	490	718	1331	1710	1227	1065	1967	2102	3162
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	3.19E-02	0.18	84	3	2	1	1		7393	8848	6143	5003	10257	8871	11776	12202	11181	12458	98642	118324
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	3.24E-02	0.24	70	4	7	1	1		1147	2827	289	1275	2142	1272	2074	3415	2020	2258	8029	18895
AT4G17770.1	ATTPS5, TPS5 - trehalose phosphatase/synthase 5	3.26E-02	0.22	43	4	3	1	1		13428	13662	2525	3418	15297	14040	14690	13399	18053	19761	119264	94474
AT3G58110.1	unknown protein	3.26E-02	0.31	44	3	0	1	1		6777	6868	3041	5564	6430	3194	6198	6386	10059	7995	38704	34413
AT2G27210.1	BSL3 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 3	3.26E-02	0.49	23	9	7	1	1		2592	4557	2874	2276	6101	3982	4371	4273	5280	5712	14897	11330
AT2G18410.1	unknown protein	3.30E-02	0.07	107	3	1	1	1		1366	5014	3565	6457	5721	8136	3922	12738	14765	10333	202658	163933
AT3G15980.1	Coatomer, beta' subunit	3.32E-02	0.43	46	1	1	1	1	AT3G15980.5	23988	10822	10420	7586	18233	19746	26800	18683	16489	21251	59340	66518
AT1G24560.1	unknown protein	3.35E-02	0.21	51	1	0	1	1		4048	5185	2292	3803	4885	3672	7842	5490	3525	9624	57876	31129
AT5G04340.1	CAM4, CAM4-6 - calmodulin 4	3.37E-02	0.24	94	0	0	1	1		4295	3995	4178	4222	7464	6958	10798	8838	15756	15016	77276	58454
AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.39E-02	0.29	209	4	3	4	4		20948	25635	15292	17553	21301	19570	21250	24429	31436	38202	144150	157101
ATCG00420.1	NDHJ - NADH dehydrogenase subunit J	3.43E-02	0.36	50	0	0	1	1		14593	16396	15700	19828	12325	17860	19400	26708	18723	22112	110367	70742
AT4G08350.1	GTA02, GTA2 - global transcription factor group A2	3.43E-02	0.08	71	6	15	1	1		20	656	0	0	3094	2694	1642	1381	571	5319	35411	41418
AT5G28850.1	Calcium-binding EF-hand family protein	3.46E-02	0.45	31	0	1	1	1		36458	37869	20346	23146	38224	39400	44537	42209	38787	41713	133198	136648
AT3G44300.1	NIT2, AtNIT2 - nitrilase 2	3.48E-02	0.49	63	2	3	1	1	AT3G44310.2	202321	173567	141243	145366	178697	181096	198087	197514	197204	255535	628167	605946
AT5G14370.1	WAG2 - Protein kinase superfamily protein	3.49E-02	0.36	23	2	1	1	1		7275	6116	4626	4059	5185	5595	5629	6136	9015	9491	34738	26021
AT4G01370.1	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	3.51E-02	0.48	32	1	0	2	2		11893	25008	16891	37726	33508	46987	41949	33417	34519	50134	121669	77101
AT4G10480.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	3.51E-02	0.48	52	1	0	1	1		8182	10831	7045	14231	13285	20176	12177	12284	22601	22602	46457	36940
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	3.51E-02	0.17	106	1	0	1	1		5942	2830	7505	5636	7990	6858	4639	7882	16916	16644	92811	83165
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	3.51E-02	0.41	22	1	3	1	1		9367	10690	2861	10342	5020	6276	9925	8313	10393	12668	37911	29142
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	3.53E-02	0.43	92	4	1	2	2		116978	140210	89159	77904	108260	113915	103585	112140	170314	204799	449427	462979
AT5G17380.1	Glycosyltransferase family 61 protein	3.53E-02	0.34	24	0	0	1	1		674631	708366	551116	861351	1026833	1010228	1138809	1268993	1267794	1384389	4900683	5179383
AT4G35980.1	unknown protein	3.54E-02	0.36	23	1	0	1	1		12118	12598	4959	5207	3900	5206	8780	5585	15269	17668	38918	35425
AT5G20280.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	3.55E-02	0.47	153	6	2	2	2		102603	113964	56945	61058	75150	78271	90786	95406	112175	116097	319214	311960
AT1G50600.1	SCL5 - scarecrow-like 5	3.58E-02	0.40	65	5	0	1	1		12998	16568	3822	7150	11786	12617	21507	22691	12653	9721	50673	44181
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	3.60E-02	0.41	120	1	1	2	2		71428	80948	42611	36049	63048	62094	54155	60210	117540	114200	274862	255319
AT5G59610.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	3.65E-02	0.37	146	3	2	3	3		73339	73052	52616	64660	60962	60924	65362	64325	111468	115698	363643	321295
AT1G60780.1	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	3.70E-02	0.47	22	0	1	1	1	AT1G10730.1	9304	6764	2754	3679	4564	5717	4138	10918	14604	6653	19973	13368
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	3.70E-02	0.45	128	0	1	3	3		108083	102124	95789	81266	112021	112570	118381	120659	147931	123787	462151	380016
AT1G21700.1	ATSWI3C, CHB4, SWI3C - SWITCH/sucrose nonfermenting 3C	3.73E-02	0.19	29	7	3	2	2		17664	8448	11416	10541	7650	10530	15530	17269	11996	21845	165995	110407
AT5G08310.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.77E-02	0.12	24	3	1	1	1		3494	2316	3071	1880	3829	2230	2073	1819	50485	49474	17263	16999
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.78E-02	0.29	49	2	0	1	1		1078	4607	634	909	1150	800	2388	1534	1680	3509	5801	16203
AT4G16143.1	IMPA-2 - importin alpha isoform 2	3.79E-02	0.23	73	5	0	1	1		197	2421	2240	956	4919	3093	7240	2488	6929	2123	23015	17539
AT2G18960.1	AHA1, PMA, OST2, HA1 - H(+)-ATPase 1	3.80E-02	0.40	43	2	1	1	1		5486	4312	1518	889	4678	4853	6668	7848	4594	3707	17973	13055
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	3.81E-02	0.44	58	2	4	2	2		355900	300394	291908	303070	325756	307798	426584	426668	324546	396894	1384759	1309015
AT5G42470.1	unknown protein	3.88E-02	0.45	52	3	0	1	1		3453	3944	696	1473	2978	4925	4066	3732	5997	3683	9136	12584
AT3G43300.1	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	3.89E-02	0.50	48	10	3	1	1		2344	1875	207	915	1190	976	1632	1831	3728	2083	2719	3088
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	3.91E-02	0.34	34	0	2	1	1		15835	13778	15636	15400	16992	14170	18875	16481	21792	23467	90680	94912
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	3.94E-02	0.22	59	0	1	1	1		6671	5606	1663	1287	2644	2425	6372	1247	11345	19056	27890	27999
AT1G19670.1	ATCLH1, CDRI1, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	3.95E-02	0.46	21	3	1	1	1		9354	6370	6732	6036	9826	8271	8246	8319	11322	11883	36926	24191
AT3G61600.1	ATPOB1, POB1 - POZ/BTB contain G-protein 1	3.99E-02	0.47	34	2	1	1	1	AT2G46260.1	16389	18404	10456	10996	15756	15429	14337	15317	22103	24504	65357	45564
AT5G62790.1	DXR, PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	4.01E-02	0.48	33	2	0	1	1		3112	5449	1555	1990	2033	2521	3486	2603	4104	4528	11238	8803
AT1G09850.1	XBCP3 - xylem bark cysteine peptidase 3	4.05E-02	0.47	58	1	0	1	1		9225	12931	4062	4334	9575	10700	8839	13482	9290	14570	29670	31686
AT1G54410.1	dehydrin family protein	4.05E-02	0.28	44	0	0	1	1		3922	4721	2766	3071	4460	4500	6014	6013	6087	6009	17710	50360
AT3G08510.1	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	4.09E-02	0.47	77	2	3	2	2		248850	195634	153694	155987	169959	181705	186416	219976	205254	232549	278446	761773	712781
AT5G66400.1	RAB18, ATDI8 - Dehydrin family protein	4.14E-02	0.08	55	0	0	1	1		313	3514	0	1667	0	4538	3083	3345	2583	5019	63137	50103
AT5G41790.1	CIP1 - COP1-interactive protein 1	4.16E-02	0.31	147	0	0	2	2		9894	8518	4198	7683	5538	5582	8464	6601	11728	11327	47359	46824
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	4.17E-02	0.28	39	0	1	1	1		18129	18182	11400	11817	20944	18129	21633	11352	32141	39471	120492	123189
AT5G44020.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	4.19E-02	0.34	101	0	0	1	1		5324	5647	2383	5591	13308	11344	19939	15790	6175	6852	35752	44722

AT5G58040.1	ATFIP1[V], FIPS5, ATFIPS5, FIP1[V] - homolog of yeast FIP1 [V]	4.22E-02	0.02	43	3	1	1	1		0	0	255	0	0	298	454	421	0	527	13046	11119
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	4.22E-02	0.47	29	5	3	1	1		3871	4521	4151	3056	3300	1946	5072	4862	3741	3982	10729	15996
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	4.22E-02	0.45	28	1	0	1	1		1398	1470	4622	7453	4708	4877	5262	4488	6626	6591	15269	16807
AT1G65540.1	LETM1-like protein	4.24E-02	0.01	31	4	0	1	1		209	18	19	0	3	0	350	423	0	340	11568	15085
AT4G15802.1	HSBP, AtHSBP - heat shock factor binding protein	4.25E-02	0.47	137	0	2	2	2		246733	217028	182760	190831	198848	179009	205842	212681	287802	306254	848893	748810
AT5G46380.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	4.26E-02	0.02	23	3	1	1	1		0	5	0	49	0	171	214	0	80	1222	6465	3478
AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	4.31E-02	0.13	46	0	0	1	1		1214	1243	749	551	1304	972	1567	1610	1621	1269	18642	23452
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	4.32E-02	0.30	77	2	1	1	1		27796	27534	10305	7651	27545	19537	25181	28863	32685	23332	149203	138543
AT5G17510.1	unknown protein	4.32E-02	0.33	43	0	2	1	1		5146	2792	1771	1780	1385	4646	3348	3145	6632	3531	17447	18210
AT1G66250.1	O-Glycosyl hydrolases family 17 protein	4.36E-02	0.29	25	3	2	1	1		71830	66140	73292	66789	68992	64617	55627	55250	480443	458970	193017	180485
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	4.38E-02	0.47	52	0	1	1	1		18102	16475	15995	21952	19323	19433	21650	20361	23267	24897	63264	82597
AT1G10940.1	ASK1, SNRK2-4, SNRK2.4, SRK2A - Protein kinase superfamily protein	4.43E-02	0.21	43	1	3	1	1		32674	51343	7393	1774	50082	39013	48333	34419	73839	45906	313438	354362
AT5G59880.1	ADF3 - actin depolymerizing factor 3	4.46E-02	0.44	81	1	0	1	1		2583	907	2572	1381	3386	2281	3627	3010	2669	2253	8476	9632
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	4.46E-02	0.43	136	2	2	3	3	AT5G50920.1	29072	29457	23194	17647	35268	32575	33068	34129	37274	33997	111631	138310
AT2G24820.1	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	4.47E-02	0.27	25	2	4	1	1		22821	84584	24787	109117	38315	114173	74619	75064	87571	136483	517293	545366
AT4G31080.1	Protein of unknown function (DUF2296)	4.48E-02	0.45	34	3	2	1	1		27343	28374	18330	15228	19519	17499	28262	19281	26837	32515	94940	79483
AT4G12730.1	FLA2 - FASCICLIN-like arabinogalactan 2	4.50E-02	0.30	26	3	0	1	1		6358	9153	6132	4082	8011	5187	7442	8282	9122	9373	50476	47031
AT2G42500.1	PP2A-3 - protein phosphatase 2A-3	4.51E-02	0.36	70	3	1	1	1		7318	8289	4673	3415	10483	9717	9279	10003	8476	10403	44413	41054
AT5G10370.1	helicase domain-containing protein / IBR domain-containing protein / zinc finger protein-related	4.53E-02	0.45	29	5	4	1	1		4866	8226	3687	3694	5276	3918	5819	3816	7665	11027	14580	22975
AT4G28910.1	NINJA - novel interactor of JAZ	4.60E-02	0.35	58	4	0	1	1		8320	7272	3768	6385	8694	8861	6625	9507	11065	11160	43041	42696
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	4.62E-02	0.39	50	0	0	1	1		46826	41801	49316	39869	44792	51173	47673	57218	55203	56491	201864	211809
AT4G11380.1	Adaptin family protein	4.64E-02	0.33	43	2	3	1	1		5331	6758	1743	2327	6318	8084	5873	6981	7294	7329	38595	27067
AT4G29520.1	unknown protein	4.67E-02	0.48	35	1	1	1	1		22935	18064	9507	14092	9163	20766	16173	18559	35098	16847	62623	47823
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	4.68E-02	0.09	66	3	5	1	1		2699	13263	12863	6569	17753	23641	12155	14363	26061	33411	400517	357746
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	4.77E-02	0.37	24	7	6	1	1		4000	2714	7302	3881	4312	4614	5528	7262	4776	5342	25902	23336
AT1G11520.1	pliceosome associated protein-related	4.85E-02	0.05	43	0	2	1	1	AT4G21660.1	966	406	1329	260	1349	1728	2107	682	2471	2001	55954	56924
AT5G27640.1	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	4.86E-02	0.15	21	4	1	1	1		4468	12288	3087	2337	4759	3734	2598	7074	16913	12192	62259	106036

Tabelle B15-c

Summe aller Proteine aus den Phosphoproteinanreicherungen von Col-0 DD und KR nach 6-7h DEX

							Normalized abundance											
							DD					KR						
Proteincode		Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	4.57E-12	18.95	136	3	2	295241	322260	315077	361440	276908	298249	13901	13104	19659	16037	19778	16162
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	1.15E-11	3.74	2064	41	38	3214053	3312048	3821031	4061222	3628274	3614137	1011522	973755	994779	926062	955821	921429
AT1G21130.1;AT1G21110.1;AT1G21130.2	O-methyltransferase family protein	8.97E-10	4.86	189	5	5	275478	288468	229239	269143	272551	248469	62983	58253	62331	52575	42752	47154
AT5G37600.1;AT5G16570.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	1.17E-07	4.39	236	6	2	167342	125184	170992	134759	145069	140398	46292	38250	34913	29343	22422	30308
AT2G41100.1;AT2G41100.2;AT2G41100.3	TCH3, ATCAL4 - Calcium-binding EF hand family protein	3.22E-07	3.70	79	2	2	36281	28911	38311	43230	35347	37616	6859	9280	11788	10537	12891	7962
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	3.28E-07	1.45	420	7	7	813796	759284	799884	802506	847171	806585	1096593	1070814	1160574	1178833	1175361	1297591
AT2G40000.1	HSPRO2, ATHSPRO2 - ortholog of sugar beet HS1 PRO-1 2	6.04E-07	8.97	38	1	1	19820	22410	20190	24928	24887	26346	3589	3960	2428	2869	1240	1368
AT3G51160.1;AT5G66280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.48E-07	2.21	336	7	7	433252	393989	550364	491252	495908	487131	256257	241134	219243	201559	185516	189016
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	7.39E-07	1.70	767	15	15	535726	585802	578631	668726	587250	646480	1078003	1164369	942814	955975	1054746	937118
AT2G02010.1;AT5G17330.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	7.72E-07	5.88	441	8	3	145416	183441	143123	163853	172086	175441	14147	25092	24818	22127	36066	45057
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	9.67E-07	1.27	1121	21	20	2501820	2644135	2484231	2652808	2620023	2745270	3490664	3378571	3231157	3238244	3438716	3141909
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	1.45E-06	1.60	509	13	12	248807	242744	216371	214134	221718	241164	388502	386583	329101	326070	405915	377376
AT3G18680.1	Amino acid kinase family protein	3.00E-06	1.43	203	4	4	130738	133847	131938	149865	140337	130514	219984	195955	194832	194923	184346	175682
AT4G31700.1;AT4G31700.2;AT5G10360.2	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	4.11E-06	2.70	294	5	2	86505	78026	95756	87932	88646	99641	29935	20867	34709	30118	38535	44848
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	4.68E-06	37.52	120	2	2	89510	87424	60738	50905	58050	73361	1385	219	945	835	3303	4506
AT4G22690.1;AT4G22710.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	5.27E-06	2.71	731	16	15	705704	718345	574534	596446	832252	862838	341343	319923	254458	258711	226189	183884
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	6.79E-06	2.64	262	4	1	52682	37176	54086	49650	42201	31903	15429	17581	14344	13476	19298	21462
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	7.45E-06	1.49	624	12	11	435707	408134	525568	531811	474198	453545	710050	689017	689741	676099	768549	669279
AT2G38470.1;AT3G01080.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	8.10E-06	8.71	364	6	6	217156	243534	179704	183610	193325	220383	12303	12633	10546	14543	48380	43748
AT3G54170.1	ATFIP37, FIP37 - FKBP12 interacting protein 37	1.19E-05	1.39	171	5	5	149797	130697	148779	125374	137118	136416	203454	189023	166475	195798	195937	198152
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	1.76E-05	2.20	48	1	1	65868	55434	62886	72105	63612	70897	31389	37999	36325	23907	27226	20482
AT2G26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	1.87E-05	1.62	565	11	11	1186830	1246828	1491807	1496409	1526861	1625925	929642	918407	908710	788804	786826	974232
AT3G17390.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	2.09E-05	1.34	608	13	10	1099783	1159033	1254884	1289300	1231625	1396764	898207	876526	909845	977431	977056	906539
AT5G57870.1;AT5G57870.2	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	3.00E-05	1.82	532	9	9	280311	285747	404034	411766	351994	353361	189608	217867	216573	187649	172989	162743
AT1G78850.1;AT1G78860.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	4.19E-05	7.11	112	2	2	23513	17814	18141	25439	27066	32426	4787	2412	6790	993	3768	1547
AT5G14740.2;AT5G14740.1;AT5G14740.3	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	4.66E-05	1.21	2389	33	14	3420705	3440856	3514400	3445259	3923022	3689070	4260866	4521854	4186550	4104347	4600430	4356016
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	5.16E-05	1.61	20	1	1	7545	8204	5873	7419	8737	8164	10931	14325	11999	11764	13527	11402
AT2G21330.1;AT2G21330.2;AT2G21330.3	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	5.81E-05	1.28	1670	29	15	8262047	8025061	8553011	8565185	7573643	7668589	9889587	9592732	10159865	10307715	11839108	10324893
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	5.95E-05	1.70	512	10	10	783303	759639	636800	661080	821895	850242	507009	513602	441857	451670	412284	333370
AT5G44070.1	CAD1, ARA8, ATPCS1, PCS1 - phytochelatin synthase 1 (PCS1)	6.19E-05	2.12	125	4	3	49157	47579	36726	47091	36863	42404	23308	27911	17705	23291	14449	16134
AT3G11780.2;AT3G11780.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein / ML domain-containing protein	6.95E-05	2.15	46	1	1	997	1456	1259	829	1125	1449	2855	1758	2544	2902	2427	2814
AT3G46530.1	RPP13 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	7.11E-05	6.42	23	1	1	68472	76694	102763	97905	95310	106940	19863	22822	15950	17019	3531	6190
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	8.32E-05	1.40	2677	44	44	9931685	10311352	8221003	8828263	9439063	9977131	14691196	15087282	12509232	12856134	12805500	11704374
AT5G19140.1;AT5G19140.2	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	9.90E-05	2.31	159	2	2	28563	15719	32459	35707	31538	29430	71027	68391	75528	73641	48021	63857
AT2G32240.1	unknown protein	1.04E-04	2.54	221	5	5	205618	251263	188434	201317	161501	211999	55167	48922	71461	75529	126617	102091
AT5G05730.1;AT5G05730.2	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	1.10E-04	2.70	118	3	3	44015	45389	56653	52681	51553	54164	11488	15571	14076	15517	38292	17883
AT5G18400.1;AT5G18400.2	Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1, Fe-S biogenesis	1.12E-04	1.24	332	6	6	286849	297693	325239	336865	337203	331634	241331	251781	263210	242813	266663	274351
AT3G28270.1	Protein of unknown function (DUF677)	1.35E-04	1.79	93	2	2	24321	15113	14969	13716	18859	14733	28038	33210	26686	27201	31403	35030
AT5G15650.1;AT5G16510.1;AT5G50750.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	1.39E-04	1.56	485	13	7	663027	627252	657119	709790	608973	603043	487724	463216	446458	431643	335598	321173
AT3G07195.1	RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	1.45E-04	5.02	43	2	1	3858	2808	6674	9269	2651	5926	18034	13524	31483	17452	39744	36405
AT1G80070.1;AT4G38780.1	SUS2, EMB33, EMB177, EMB14 - Pre-mRNA-processing-splicing factor	1.45E-04	1.71	168	5	5	27436	20894	21627	24350	37884	29061	46238	47880	47940	43210	41613	48266
AT1G72370.1;AT3G04770.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	1.56E-04	1.19	1488	22	21	7771213	7911746	7574675	7946312	7429186	7731304	6725436	6763922	5923482	6076818	7085011	6262688
AT3G26740.1	CCL - CCR-like	1.59E-04	2.35	22	1	1	36027	23500	21626	20189	25301	25077	36266	56720	56430	62794	55380	88556
AT4G38970.1;AT2G01140.1;AT4G38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	1.76E-04	1.28	2141	31	18	11638523	11680517	11906146	12749514	11618813	11919768	14303473	14799055	14210439	13971303	17789564	16402038
AT1G62380.1	ACO2, ATACO2 - ACC oxidase 2	2.01E-04	2.07	43	1	1	6122	7057	4340	6373	6921	5120	8390	11729	12944	13797	10490	17185
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	2.15E-04	1.28	514	9	6	492439	480191	443526	489167	507219	535882	397701	433548	380827	379719	379961	330251
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.19E-04	1.26	188	4	4	185471	170581	203020	193934	178892	191553	214734	222219	223788	242707	262366	252100
AT4G02520.1;AT2G02930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	2.54E-04	1.40	239	5	4	229845	256485	270574	299808	230543	241038	165074	181267	172804	164057	213449	198361
AT5G58310.1	ATMES18, MES18 - methyl esterase 18	2.57E-04	2.14	34	1	1	98875	115265	136071	92365	117369	115137	56260	70912	72076	45513	32684	38314
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase ii	2.93E-04	1.38	235	5	5	126363	120665	119089	128724	99697	104483	80958	84926	81477	73381	99560	86902
AT4G01800.1;AT4G01800.2	AGY1, AtcpSecA, SECA1 - Albino or Glassy Yellow 1	2.96E-04	1.15	1243	23	21	1312788	1359118	1239253	1248856	1360912	1335942	1213386	1198894	1123694	1076744	1111249	1093965
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	3.02E-04	2.60	58	1	1	10644	11268	8906	7939	9909	8216	13865	17723	24398	21028	29907	40904
AT5G44520.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	3.09E-04	1.23	183	5	5	206546	200093	186175	175293	199468	210586	254557	235017	234744	218393	249247	262217
AT1G10500.1	ATCPISCA, CPISCA - chloroplast-localized ISCA-like protein	3.18E-04	1.21	57	1	1	61599	62689	56270	58440	56739	61127	62243	73669	74951	72894	71636	76437
AT4G21750.1	ATML1 - Homeobox-leucine zipper family protein / lipid-binding START domain-containing protein	3.18E-04	1.42	45	1	1	6556	6503	6917	6980	8381	8460	11098	10734	9160	11400	8836	10932
AT2G27860.1	AXS1 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1	3.23E-04	3.03	40	1	1	9813	9867	7520	6373	6840	8776	4241	2721	3982	2025	2208	1045
AT5G13280.1	AK-LYS1, AK1, AK - aspartate kinase 1	3.23E-04	1.41	213	7	5	174755	161552	155826	165872	193494	187205	139404	137064	131715	114131	113836	98293
AT5G13650.1	elongation factor family protein	3.48E-04	1.33	430	9	9	233720	223529	270240	273244	241639	231893	364224	360146	319032	293587	288175	328973
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	3.58E-04	1.32	1923	30	9	3369717	3611062	3126634	3512161	2939417	3275595	2709198	2930444	2343864	2328600	2478894	2200901
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	3.72E-04	1.78	240	6	5	113079	112030	93641	96341	113833	116732	50629	54554	44010	50244	81035	82067
AT2G05830.1;AT2G05830.2	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	3.88E-04	1.28	66	2	2	40107	34062	37267	33775	31081	35835	27777	28088	28043	26481	24406	30671
AT5G19220.1;AT1G27680.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	3.92E-04	1.15	917	16	16	1023337	1072964	987162	1052907	917668	949746	1155199	1178844	1137177	1108105	1133150	1168571
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	4.04E-04	1.77	1340	19	19	1993045	2080581	3312874	3532208	2373991	2577151	5192841	5335190	5012090	4714548	4134904	3708793
AT2G39800.3;AT2G39800.1;AT2G39800.2	P5CS1 - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	4.68E-04	1.25	983	19	15	896110	853645	1056086	1131004	893725	936110	1220282	1217919	1229626	1176509	1211621	1177367
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	4.80E-04	3.44	233	5	5	316684	377929	199339	250207	257984	312211	40670	41368	60241	47089	152779	155994
AT2G30520.2;AT3G49970.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	4.97E-04	2.11	288	8	2	14974	16845	8268	9487	15006	14828	32898	23186	22128	26303	39018	24164
AT3G06820.2	BRCC36B, AtBRCC36B - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	5.69E-04	1.59	68	1	1	2441	2694	2889	2997	2545	3662	4164	4258	4238	4045	4321	6439
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	5.76E-04	1.20	876	15	15	1466363	1534620	1378498	1504135	1369774	1391118	1697285	1703934	1595554	1601705	1913808	1851103
AT5G51600.1	PLE, ATMAP65-3, MAP65-3 - Microtubule associated protein (MAP65/ASE1) family protein	5.85E-04	1.62	22	1	1	140301	171517	152716	147435	166080	143209	114410	100612	104096	102979	86957	59599
AT1G45201.1	ATTLL1, TLL1 - triacylglycerol lipase-like 1	5.97E-04	1.53	703	12	12	1126988	1123888	733033	751014	1088818	1158826	1585098	1630093	1476435	1540512	1507504	1429489
AT1G20950.1	Phosphofructokinase family protein	6.35E-04	1.33	373	8	4	175990	196818	156040	180254	213622	196898	159524	149492	126723	143035	132610	127685
AT5G26570.1	PWD, OK1, ATGWD3 - catalytics;carbohydrate kinases;phosphoglucan, water dikinases	7.03E-04	1.46	37	1	1	11169	11722	9623	12635	10346	8813	16139	18021	14168	12549	17944	15265
AT3G02230.1;AT3G08900.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	7.45E-04	1.71	409	9	3	307442	320043	344314	411336	269983	297181	249282	228551	195689	185582	133236	147149
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.50E-04	1.58	566	9	9	691777	643314	563799	575511	582521	608239	291827	287080	405289	369443	463154	501714
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	7.60E-04	3.97	142	3	3	150427	155872	119536	128337	161206	173093	11356	12891	20531	24145	82156	72748
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	7.79E-04	1.25	117	2	2	35174	33665	35624	38117	39308	33101	39335	44952	48172	45107	40927	49776
AT4G21445.1	unknown protein	8.49E-04	1.36	220	5	5	281271	282330	219898	220836	264064	251014	294649	307201	339656	353851	388821	389405
AT1G59870.1;AT1G15210.1;AT1G15520.1;AT1G(	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	8.91E-04	1.69	1568	34	27	1548247	1495458	988783	995729	1594825	1587285	910164	939900	673137	709504	837552	780626
AT1G19350.3;AT1G19350.1	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	9.49E-04	13.01	60	2	1	3965	5433	2036	3587	2645	3822	12012	11759	16005	18840	119566	101292
AT1G70730.3;AT1G70730.1;AT1G70730.2	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	9.77E-04	1.60	199	6	3	49459	49129	47903	59230	48910	40271	36603	40645	30255	30161	22515	24474
AT1G55450.1;AT1G55450.2;AT3G54150.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.01E-03	4.81	168	4	4	32117	35324	34863	36184	46343	41010	13598	9551	9500	10276	2959	1085
AT3G07090.1	PPPDE putative thiol peptidase family protein	1.01E-03	1.39	119	3	3	197204	221533	223744	250423	183421	183281	171347	157618	163104	139772	154077	122510
AT3G21200.1	PGR7 - proton gradient regulation 7	1.01E-03	1.29	257	5	5	398074	371817	406377	419225	387277	375634	313286	325057	364210	302704	253266	267213
AT4G13940.1;AT4G13940.2;AT4G13940.3;AT4G(	HOG1, EMB1395, SAHH1, MEES8, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	1.02E-03	1.40	2614	46	18	9106082	9628702	8903945	9838627	9000617	9311342	7764012	7536221	7209208	6956824	5288975	5142362
AT4G21710.1	NRPB2, EMB1989, RPB2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	1.17E-03	1.36	146	4	3	11696	13630	16247	13684	12690	15146	21992	19291	15628	20343	18204	17575
AT3G62410.1	CP12-2, CP12 - CP12 domain-containing protein 2	1.17E-03	1.50	73	1	1	51380	44961	35236	44598	39220	35000	49352	53497	64782	62321	71916	73873
AT4G00020.1	FIB - fibrillin	1.24E-03	1.31	1059	16	15	2362586	2562024	3304932	3486126	2789348	2760821	3542379	3733203	3862835	4022164	3861898	3670378
AT1G13440.1;AT1G13440.2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	1.24E-03	1.40	937	18	2	151901	164085	201009	236721	172786	184873	137044	140167	132181	126738	144480	112592
AT4G28470.1	RPN1B, ATRPN1B - 26S proteasome regulatory subunit S2 1B	1.27E-03	1.39	596	11	2	57950	62486	47692	47462	53782	49051	35246	44757	43190	40534	31052	34358
AT3G18780.2;AT3G18780.1	ACT2, DER1, LSR2, ENL2 - actin 2	1.33E-03	1.21	3740	64	1	1376538	1251409	1232307	1268547	1567231	1444294	1596608	1589045	1759992	1539833	1649836	1737815
AT5G66190.1;AT5G66190.2	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	1.37E-03	1.17	771	16	14	985928	982935	956793	1053426	915260	952166	1130300	1083502	1128092	1111812	1304770	1067721

AT2G39460.1;AT3G55280.1	ATRPL23A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	1.47E-03	2.55	718	14	12	2721634	2856665	3854438	4007081	1564566	1690280	736714	752786	950949	1019243	1394662	1690376
AT2G41430.1;AT2G41430.3	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	1.47E-03	2.28	121	3	3	404622	406745	329198	375745	381852	379172	96880	93066	118514	115164	303593	272071
AT1G31910.1;AT1G31910.2	GHMP kinase family protein	1.47E-03	1.32	312	6	6	113887	127456	110433	111049	114766	118002	96784	101261	87600	90099	86715	65776
ATCG01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster binding	1.50E-03	1.23	231	5	5	673498	638414	712260	786295	682101	656000	781559	810531	834166	793260	992684	895262
AT1G70890.1	MLP43 - MLP-like protein 43	1.51E-03	1.37	28	1	1	35619	28727	31196	25372	29314	26030	39812	42907	36030	39715	49199	34206
AT5G54810.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	1.52E-03	1.49	651	14	5	437753	433442	631210	627364	547804	600712	342046	319569	336987	330487	439732	431487
AT1G50480.1;AT2G12280.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	1.55E-03	1.46	258	6	6	92128	98814	104169	114780	97991	107455	95846	81669	57533	58264	69662	59851
AT5G44020.1;AT1G04040.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	1.58E-03	1.33	237	5	5	80429	77759	82084	90670	102199	92745	139207	122745	101249	103307	109053	122363
AT2G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.59E-03	1.54	57	2	2	8530	9019	6372	8107	8982	9443	13141	10946	9384	13959	14258	16171
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.60E-03	1.36	201	5	4	175038	165903	194319	215919	199278	208473	157730	155579	167010	129232	120307	119458
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	1.61E-03	1.32	163	3	3	220126	195781	299378	258818	217720	215352	292031	339994	326963	295968	300740	306155
AT5G11670.1;AT5G25880.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	1.67E-03	2.78	123	3	3	67824	73227	86921	101930	96301	91389	29320	34112	45769	52446	14321	10203
AT5G58782.1	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase family protein	1.81E-03	1.79	28	1	1	11337	15104	14043	18633	15013	11210	11477	9892	7011	6238	5182	7818
AT5G15490.1;AT3G01010.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	1.82E-03	1.38	273	6	3	91572	107968	100323	116797	94364	97483	80310	93629	71457	73116	65344	57003
AT2G39730.1;AT2G39730.3	RCA - rubisco activase	1.87E-03	1.65	8889	124	3	9877827	10320868	11064037	12212016	7129566	7838206	14108950	14830251	19220025	20431970	15988843	11689426
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	1.91E-03	1.34	238	5	5	623782	661667	758965	818191	639710	643862	588593	576013	552061	496136	458180	421905
AT1G12900.1;AT1G12900.2	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	1.96E-03	1.38	1703	25	4	1682990	1679867	1706934	1919453	1382738	1477681	1408545	1404404	1056446	1144340	1177789	970041
AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family	1.97E-03	1.36	47	1	1	64592	49502	63805	68091	56923	60639	38771	52421	48483	45933	35350	45457
AT3G60240.2;AT3G60240.3	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	2.01E-03	2.05	144	4	3	12079	12135	20063	19623	22263	22312	7426	5437	8686	7585	9462	14287
AT1G54100.1	ALDH7B4 - aldehyde dehydrogenase 7B4	2.08E-03	1.66	41	1	1	23247	35420	33021	31056	28347	28706	12819	12491	23584	16460	21767	21196
AT4G26750.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2.20E-03	1.55	34	1	1	32064	27977	42102	47916	34920	30619	23359	26815	19163	25421	25635	18307
AT4G34930.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	2.21E-03	2.33	178	5	2	51273	45809	49788	37619	31384	33528	23149	14684	25576	24835	11511	7056
AT1G08370.1	DCP1, ATDCP1 - decapping 1	2.30E-03	1.19	98	4	4	103295	97101	110922	113255	112855	120309	101504	88462	99572	89184	88742	84312
AT1G15730.1	Cobalamin biosynthesis CobW-like protein	2.41E-03	1.18	226	5	4	208246	206533	206888	223154	173288	220183	241025	246156	239101	241903	263347	228462
AT4G02770.1;AT1G03130.1	PSAD-1 - photosystem I subunit D-1	2.44E-03	1.44	138	4	4	86786	87217	127387	131605	100122	113929	172928	188482	154335	138593	140894	136252
AT1G64520.1;AT5G42040.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	2.45E-03	1.14	859	16	16	2976766	3053485	2612190	2851482	2731366	2924357	2634071	2618506	2450491	2470708	2564544	2251644
AT3G10220.1	tubulin folding cofactor B	2.45E-03	1.22	20	1	1	76041	66017	68392	70421	67894	60922	85279	89314	84823	68634	86587	84461
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	2.46E-03	1.52	882	18	15	1068494	1072399	1151157	1100734	1152946	1154618	1452220	1405638	1404865	1414006	2234140	2253101
AT3G62830.1;AT2G47650.1	UXS2, ATUXS2, AUD1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.47E-03	1.96	61	1	1	5949	6261	3095	3691	6031	5920	3063	2409	1556	2805	3259	2705
AT5G35620.1	LSP1, EIF(ISO)4E, LSP, EIF4E2, eIFiso4E - Eukaryotic initiation factor 4E protein	2.58E-03	1.44	377	6	6	378499	338263	537385	583603	473413	448924	331490	327068	318133	317107	335805	293336
AT2G27530.1;AT1G08360.1	PGY1 - Ribosomal protein L1p/L10e family	2.58E-03	1.53	46	2	2	40234	28771	35057	25932	39088	41362	24769	22826	29314	22501	20480	17391
AT1G74050.1;AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	2.65E-03	1.66	99	2	2	21014	21263	36979	37733	33500	30225	18267	19183	15976	22811	17329	15608
AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.65E-03	2.39	140	3	1	6441	3316	2808	2087	5652	6036	13965	12649	13246	8933	6624	7578
AT5G15090.1	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	2.75E-03	1.37	196	5	4	61360	67807	60953	70675	69693	83182	84150	88128	83468	84801	122235	104881
AT5G64040.1;AT5G64040.2	PSAN - photosystem I reaction center subunit PSI-N, chloroplast, putative / PSI-N, putative (PSAN)	2.75E-03	1.52	144	4	4	123861	92775	115873	99007	147347	137890	164009	160794	165979	148343	239343	208959
AT5G54500.1;AT4G27270.1;AT5G54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	2.80E-03	1.49	204	4	4	220419	219846	281044	290578	244876	270056	201675	202540	182786	176994	147329	112296
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	2.86E-03	1.33	161	3	2	70791	88973	95998	114335	88348	85399	64581	76543	66550	61154	71320	67794
AT2G06850.1;AT5G13870.1	EXGT-A1, EXT, XTH4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 4	2.99E-03	1.15	359	8	8	685301	671589	587068	645972	704219	732897	598965	613015	570807	553823	597154	571096
AT2G05170.1	ATVPS11, VPS11 - vacuolar protein sorting 11	3.12E-03	1.38	24	1	1	29174	23685	17776	18975	24980	24219	33332	30999	32036	29286	37766	28379
AT1G79050.1;AT1G79050.2	recA DNA recombination family protein	3.12E-03	1.67	159	3	3	34034	42610	41284	42493	53359	39166	63197	45822	54696	87369	84499	86667
AT3G23400.1	FIB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	3.17E-03	1.35	144	3	3	217859	224621	271365	282557	249073	270520	320390	322832	304237	284425	413876	404689
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	3.24E-03	1.18	2345	38	31	23242792	22863291	21802050	23248465	19233162	19556438	19498475	19316624	17340108	17310717	19144958	17626200
AT3G03950.1	ECT1 - evolutionarily conserved C-terminal region 1	3.30E-03	1.87	22	1	1	3369	3096	5981	3261	5065	2977	1931	2751	1454	2716	2227	1642
AT3G29360.1;AT1G26570.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	3.42E-03	1.27	436	9	5	331696	375898	399725	459806	348825	379239	313134	335919	295925	291329	316883	247283
AT5G10470.2	KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	3.49E-03	1.32	1238	25	19	940004	984786	993972	1115800	1180700	1215912	1297341	1272485	1319444	1248285	1739815	1619355
AT3G22890.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	3.55E-03	1.31	309	8	6	319297	396859	371744	406594	341590	378504	264301	271613	249495	243179	365470	301716
AT3G53420.1;AT2G37180.1	PIP2A, PIP2, PIP2;1 - plasma membrane intrinsic protein 2A	3.56E-03	1.42	383	7	3	1606460	1314259	1091987	935187	1448383	1395168	1977590	2224755	1634185	1821388	1650193	1735882
AT2G45470.1;AT3G60900.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	3.61E-03	1.78	128	2	2	15021	16425	29871	21966	21480	20203	28670	33188	30482	29577	58308	42801
AT3G59870.1	unknown protein	3.70E-03	1.35	432	9	7	390624	395335	435245	465619	368406	377950	369051	339432	305530	306806	253236	227072
AT3G17900.1	unknown protein	3.74E-03	1.18	212	5	5	93297	82879	90402	93815	94770	93574	107096	95906	101544	104460	125647	114687
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	3.74E-03	1.34	612	12	12	1099508	1004048	1090021	1099328	860514	893911	863559	936250	705234	736924	664136	616886
AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	3.76E-03	1.29	154	2	1	96209	104311	107247	104886	81325	108237	92704	82324	65825	71632	70957	83186
AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	3.76E-03	1.18	444	11	11	257748	289869	262577	299023	266345	289524	214787	229289	218733	222764	272399	249691
AT4G14740.1;AT4G14740.3	Plant protein of unknown function (DUF828) with plant pleckstrin homology-like region	3.80E-03	2.88	74	2	1	2618	1659	1552	2267	3936	3645	4636	3902	5187	6031	9730	15687
AT1G09550.1	Pectinacetylesterase family protein	3.84E-03	1.99	21	1	1	15283	10621	8971	5702	11254	9108	18879	20797	26622	24944	10947	18944
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	3.84E-03	1.44	2265	42	14	5391437	5196289	4990196	5318699	4783277	4878546	4131680	4252580	4082690	3754379	2558134	2492347
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	3.89E-03	1.40	144	2	2	100031	96616	92202	94608	89350	83065	85822	77945	70843	61809	50901	49903
AT4G11860.1	Protein of unknown function (DUF544)	3.89E-03	1.98	148	3	2	5722	3859	5440	11788	8298	9077	9847	13004	13633	13464	17759	19749
AT1G08130.1	ATLIG1, LIG1 - DNA ligase 1	3.94E-03	1.46	45	2	1	10889	7701	13084	12218	9134	10890	15633	13967	18767	18272	12536	14145
AT3G61240.1;AT2G45810.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	4.07E-03	1.31	34	1	1	21479	20185	17825	20125	22425	21682	19493	15835	14792	17739	14403	12203
AT3G22680.1	RDM1 - RNA-DIRECTED DNA METHYLATION 1	4.12E-03	120.28	24	1	1	219	0	1	0	0	6	24245	2221	37	62	392	126
AT1G09795.1;AT1G58080.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	4.14E-03	1.30	116	4	4	174553	135348	152941	150200	170568	147148	193309	186802	188431	183184	265117	191443
AT2G35390.1;AT1G32380.1;AT2G35390.3	Phosphoribosyltransferase family protein	4.23E-03	1.41	451	9	7	360976	367365	502319	539544	446823	449265	370589	362850	326088	308995	280026	243092
AT1G53500.1;AT3G14790.1	MUM4, RHM2, ATRHM2, ATMUM4 - NAD-dependent epimerase/dehydratase family protein	4.26E-03	1.41	363	6	1	16230	14206	10432	12385	11264	11423	10621	8705	9220	10379	7128	7725
AT1G26560.1;AT2G32860.1	BGLU40 - beta glucosidase 40	4.28E-03	1.19	401	9	9	315485	345396	283461	317873	312669	364891	389404	433831	386577	373280	365306	350610
AT4G34120.3	LE1I, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	4.34E-03	1.57	77	2	2	47818	32915	71811	61636	46587	47758	31126	33302	29990	39344	30429	31935
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	4.48E-03	1.36	103	3	3	42128	48827	40725	46257	40924	42179	33540	29518	35336	35393	21629	36942
AT3G19800.1	Protein of unknown function (DUF177)	4.60E-03	1.86	44	1	1	12215	27298	29241	26980	28459	21546	30047	51448	43163	37967	65024	43200
AT1G01620.1;AT1G01620.2	PIP1C, TMP-B, PIP1;3 - plasma membrane intrinsic protein 1C	4.74E-03	1.74	86	3	1	165486	142097	65383	72833	118414	139445	215510	234582	171675	167916	226784	208727
AT1G09750.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	4.76E-03	1.54	22	1	1	24621	24700	19407	22369	13437	17330	12346	14542	11947	16779	10743	12891
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	4.82E-03	1.56	48	1	1	11288	8913	16591	12254	12703	12543	21073	13761	18300	15758	21933	25029
AT4G11850.1;AT4G11830.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	4.89E-03	1.57	307	8	8	163944	125406	142449	104617	170699	157778	126605	106475	89838	87933	59734	79449
AT5G38480.1	GRF3, RCI1 - general regulatory factor 3	4.92E-03	1.13	1048	17	8	1322385	1180091	1132828	1159160	1170699	1079534	1336918	1326865	1259404	1254677	1361144	1453251
AT3G14100.1;AT1G17370.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.01E-03	1.33	344	7	2	54864	36388	52951	41659	44766	44122	38241	33393	34934	39711	31136	29734
AT4G33430.2;AT4G33430.1	BAK1 - BRI1-associated receptor kinase	5.02E-03	1.75	69	2	1	6901	7137	8386	5763	8381	8757	6231	6049	4945	2973	2613	3148
AT5G60730.1	Anion-transporting ATPase	5.07E-03	1.42	25	1	1	18629	16684	24939	16777	15966	14663	31483	27522	27009	24141	21016	21487
AT1G61520.1	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	5.20E-03	1.24	105	2	2	790452	832648	614679	705993	811267	858997	1071610	1007043	908466	894293	974635	862923
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	5.34E-03	1.57	130	3	1	136608	125891	143864	152924	137717	133087	159234	175111	180596	190251	320389	274240
AT3G11710.1	ATKRS-1 - lysyl-tRNA synthetase 1	5.37E-03	1.47	73	2	2	41623	39567	47253	41840	37828	42493	36045	30593	26931	34428	25198	16816
AT4G34150.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	5.68E-03	1.89	64	2	2	33367	33244	35378	33569	31522	31542	22711	21768	21969	20437	11701	6567
AT1G70850.1	MLP34 - MLP-like protein 34	5.77E-03	1.51	32	1	1	6688	6350	4321	7411	4955	5879	9338	7909	7380	6914	11182	11120
AT1G09640.1;AT1G09640.2	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	5.92E-03	1.34	353	8	4	134241	151435	89566	126021	122749	148087	164105	170763	152797	166072	204879	178365
AT1G80380.2;AT1G80380.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.93E-03	1.11	872	19	18	3939667	3751866	3413344	3612260	3890133	3939279	3156694	3321676	3643419	3344166	3427908	3393994
AT3G45640.1;AT1G10210.1	ATMPK3, MPK3, ATMAPK3 - mitogen-activated protein kinase 3	5.94E-03	1.70	343	7	5	141904	168418	158748	160875	141932	122235	124466	114119	86990	98615	49540	51787
AT5G39320.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	6.28E-03	1.34	198	4	1	19808	19399	22531	17960	19029	17781	16727	14645	11541	10805	15218	17856
AT5G41190.1	unknown protein	6.30E-03	4.37	103	1	1	10255	12067	2066	8525	12716	11047	15721	17227	30323	26155	81449	76776
AT2G32700.7	LUH - LEUNIG_homolog	6.36E-03	1.58	154	3	3	62782	50088	78385	51631	72462	61821	50557	47349	43891	43333	27924	25492
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	6.40E-03	1.23	477	12	12	204872	207670	227183	257914	238697	257893	300912	308249	303539	309161	261504	237319
AT5G42310.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	6.45E-03	1.55	57	1	1	20123	17126	10775	10678	20453	21873	25107	22483	26458	25367	28111	28620
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	6.56E-03	1.26	1374	19	19	6040445	5949031	6084774	6383373	6225592	6171712	5649535	5479619	5271114	5109948	3964984	3809580
AT2G05070.1	LHCB2.2, LHCB2 - photosystem II light harvesting complex gene 2.2	6.57E-03	1.96	224	4	1	46176	35287	41142	30189	46331	43232	95336	117024	84845	86839	50360	40167
AT1G09630.1	ATRAB11C, ATRABA2A, ATRAB-A2A, RAB-A2A, RAB11c - RAB GTPase 11C	6.72E-03	1.39	214	4	1	161588	163587	104722	112258	155164	168087	110337	110744	105360	108163	98779	88108
AT2G07707.1	Plant mitochondrial ATPase, F0 complex, subunit 8 protein	6.88E-03	1.28	99	2	2	97700	84264	59765	76898	91963	88032	98561	109711	108301	110763	109867	98869
AT3G60750.1;AT3G60750.2	Transketolase	6.94E-03	1.25	1833	30	22	8451299	8449010	8567060	9491086	7661658	7915359	7781206	7778314	6947422	6657859	5796786	5401852
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.97E-03	1.33	393	9	9	567442	608721	819990	892620	773749	787493	522720	606042	574109	589235	574593	474772

AT4G37120.1	SMP2 - Pre-mRNA splicing Prp18-interacting factor	7.14E-03	1.57	35	1	1	12729	14708	11970	8897	12362	9650	5097	5578	7339	7086	8596	11171
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	7.35E-03	1.25	273	6	6	488741	416477	595511	659087	530648	564423	728928	675874	652540	698745	689773	622140
AT1G77210.1	STP14, AtSTP14 - sugar transporter 14	7.38E-03	1.75	26	1	1	8984	17653	14456	16860	20550	22946	22268	21784	28731	36107	27140	41155
AT5G43130.2	TAF4 - TBP-associated factor 4	7.39E-03	2.19	75	3	1	23968	39748	38764	48819	25076	31738	22443	24596	15557	17724	9310	5578
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	7.45E-03	1.26	138	4	3	27493	27113	29687	36617	30751	28721	38649	40107	33467	31929	44994	37357
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	7.53E-03	1.65	916	17	16	1167380	1250838	864640	994890	1060084	1149297	1296343	1305090	1537755	1511797	2765540	2315970
AT1G70600.1;AT1G23290.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	7.82E-03	1.41	77	3	3	629182	627104	587907	654826	537314	567378	337956	359965	355917	348849	616407	542758
AT2G24050.1	elFiso4G2 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	7.83E-03	1.98	53	1	1	9349	7203	10772	11517	10423	8668	5022	6532	9128	3295	3397	1850
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	7.85E-03	1.47	1586	30	10	716130	697657	866056	930274	728369	806238	645165	644990	599984	583715	423560	322031
AT3G15840.3;AT3G15840.1;AT3G15840.4;AT3G1	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	7.89E-03	1.87	125	4	3	396189	374843	289705	300695	300768	294450	415724	430111	465442	458875	910342	982624
AT3G49810.1	ARM repeat superfamily protein	7.91E-03	1.39	27	1	1	25682	25109	18448	18714	17482	19743	17827	17156	16550	11559	12180	14521
AT4G22485.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	8.10E-03	1.66	96	2	2	72271	81777	43121	46005	54827	51552	28135	26007	28256	31340	47493	49726
ATCG00750.1	RPS11 - ribosomal protein S11	8.22E-03	1.21	108	2	2	152396	110980	152673	142366	141353	128731	190108	152396	174434	163460	154282	171482
AT1G47820.1;AT1G47813.1	unknown protein	8.28E-03	1.67	63	2	2	55427	52017	54493	51059	55104	58853	62145	69893	85607	71171	158793	97714
AT2G07698.1;ATMG01190.1	ATPase, F1 complex, alpha subunit protein	8.36E-03	1.22	2075	38	33	10364766	11315445	11507113	11986269	10102820	10389147	10426244	10415467	8818796	8781196	8079415	7498572
AT2G25830.1	YebC-related	8.39E-03	2.43	62	1	1	10197	12746	3650	4554	7589	7624	11332	11085	15710	14502	35599	24242
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	8.54E-03	1.74	173	3	1	19665	19705	20443	29496	20171	26368	32002	27518	33775	28091	63522	51287
AT5G65540.1	unknown protein; Has 6825 Blast hits to 3811 proteins in 289 species: Archae - 0; Bacteria - 184; Metazoa - 213	8.77E-03	1.65	77	3	1	30450	45061	52737	54313	33315	42107	30534	37698	27360	25601	19232	16208
AT4G04890.1	PDF2 - protodermal factor 2	8.88E-03	1.15	49	1	1	24185	21251	23818	23978	24690	21932	24988	28247	29480	27533	23290	27655
AT1G35460.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	8.95E-03	2.40	74	1	1	1339	2590	3101	3594	3160	4308	4380	4248	5156	5634	12629	11353
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GST6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	8.96E-03	1.17	421	7	7	1270356	1297027	1195244	1390333	1231533	1365741	1145097	1252673	1071235	1090049	1155199	914467
AT5G41520.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	9.00E-03	1.73	43	1	1	119311	112032	185756	166358	129990	122451	111080	89907	100598	77086	36996	68190
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	9.02E-03	1.44	113	2	2	89759	87076	103051	117804	100261	115197	139293	120978	121126	117588	181734	201229
AT5G13970.1	unknown protein	9.18E-03	2.39	422	8	8	240193	226768	205467	200260	191027	200813	253268	276948	380821	353058	903965	853311
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	9.50E-03	1.16	3022	51	39	8841018	9198391	6987445	7815531	9023150	9431522	10252011	10193797	9781821	9578014	10053056	9782910
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	9.63E-03	1.48	190	5	5	108779	95993	149963	144531	111726	111262	86539	97381	96109	91868	62468	52544
AT5G47870.1	unknown protein	9.65E-03	1.29	225	5	5	358388	365453	465731	495661	359449	395769	473346	531913	450386	470954	620248	598540
AT2G30930.1	unknown protein	9.66E-03	1.28	127	1	1	58968	64437	54989	45368	59778	75436	71067	85908	77214	76295	85046	65627
AT5G26742.3;AT5G26742.1	emb1138 - DEAD box RNA helicase (RH3)	9.69E-03	1.36	215	5	4	75994	73342	112639	103312	74392	76363	131913	145620	105052	113394	106226	99551
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	9.73E-03	1.29	160	4	4	32107	46671	30964	41175	38219	40517	55728	50239	46512	54219	39557	50397
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	9.99E-03	1.94	21	1	1	9512	7420	9470	8308	9035	6758	11701	11629	12435	10177	29008	23135
AT3G47470.1	LHCA4, CAB4 - light-harvesting chlorophyll-protein complex I subunit A4	1.01E-02	1.36	281	5	5	150473	133966	103775	100518	159978	170591	202949	187442	177419	160230	170789	211624
AT5G06600.1;AT5G06600.3	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	1.03E-02	1.29	1471	35	13	1118321	1192758	1432245	1501401	1296321	1298260	1173298	1196228	1041361	1022229	860391	772025
ATCG00330.1	RPS14 - chloroplast ribosomal protein S14	1.03E-02	1.08	108	2	2	152612	157771	148546	142679	140220	141430	158338	161264	162841	166763	151917	152556
AT4G05420.1;AT4G05420.2;AT4G21100.1	DDB1A - damaged DNA binding protein 1A	1.05E-02	1.19	457	12	12	358624	340593	258503	280588	348411	318594	389585	354495	368302	367067	417017	378965
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	1.05E-02	1.31	255	5	5	175492	150497	207283	202289	166387	187138	247694	253517	289021	254275	198604	185680
AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated family protein	1.07E-02	2.26	69	2	2	72535	58808	72878	36355	47733	30063	80356	63106	93430	91002	175267	216341
AT4G13260.1	YUC2 - Flavin-binding monooxygenase family protein	1.08E-02	1.62	25	1	1	104911	91079	99747	101053	74389	90848	64764	57113	66968	80824	51549	25743
AT5G35380.1	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	1.09E-02	1.64	21	1	1	18674	31591	41656	46776	39930	32180	20828	24241	26577	20166	16792	20080
AT3G44340.1;AT3G44340.2	CEF - clone eighty-four	1.10E-02	1.30	270	6	5	347622	300631	261241	260231	334687	361194	270813	255815	265156	240320	216869	180814
AT1G48600.1;AT3G18000.1	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.10E-02	1.47	326	9	7	129247	132130	91961	75930	112677	132919	183158	213288	159272	173366	123260	137048
AT4G04330.1	Chaperonin-like RbcX protein	1.11E-02	1.57	74	2	2	34597	28755	41803	45524	32942	37187	34271	29192	23185	23777	13416	17041
AT2G23420.1	NAPRT2 - nicotinate phosphoribosyltransferase 2	1.12E-02	1.23	22	1	1	18901	18145	20442	18649	19879	23158	28354	28625	22427	21291	24083	21647
AT2G43180.1;AT2G43180.2;AT2G43180.3	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	1.14E-02	1.18	487	9	7	968967	954238	944517	973191	789505	823452	1140640	1078088	970528	937755	1163093	1122007
AT2G43910.1	ATHOL1, HOL1 - HARMLESS TO OZONE LAYER 1	1.14E-02	1.57	24	1	1	8067	5575	8099	6889	7611	5984	11817	11503	10688	16849	7488	7920
AT4G22890.1;AT4G22890.4;AT4G22890.5	PGR5-LIKE A - PGR5-LIKE A	1.15E-02	1.44	108	2	2	16841	25633	12842	13010	20759	17287	26098	29327	27102	28815	20992	21061
AT5G22750.1	RAD5 - DNA/RNA helicase protein	1.16E-02	1.47	21	1	1	9690	6793	9117	7440	11902	8875	8166	5975	5974	6345	6236	3882
AT1G21750.1;AT1G21750.2	ATPDIL1-1, ATPDI5, PDI5, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	1.17E-02	1.49	166	5	4	56804	54571	84409	74829	78182	80869	54908	53096	56326	57858	32028	34511
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	1.17E-02	1.97	127	3	3	48883	57686	91583	107830	95363	123055	46833	42976	61505	60939	32894	20841
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	1.17E-02	2.61	977	19	17	843733	783566	502644	540768	699871	751199	870490	851659	1239056	1286506	3486422	3022674
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	1.17E-02	1.42	62	1	1	23072	14602	17864	18698	18199	13772	16160	10813	13929	13905	9082	10820
AT4G27600.1	NARA5 - pfkB-like carbohydrate kinase family protein	1.18E-02	Infinity	91	1	1	0	0	0	0	0	0	659	1325	0	0	10900	9979
AT1G31330.1	PSAF - photosystem I subunit F	1.22E-02	1.22	211	3	3	159118	170455	135654	161611	187559	205784	221748	220388	209646	220091	190719	183944
AT5G55530.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	1.24E-02	2.03	52	1	1	10988	12900	16264	14642	7970	11966	7665	7807	7321	8196	1854	4049
AT1G11900.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.26E-02	1.87	25	1	1	25212	14527	28765	21880	20214	19258	16216	8932	15197	17326	4977	6703
AT4G09000.1	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	1.27E-02	1.11	1193	18	7	2184356	1898154	1914456	1884687	1927277	1837733	2180362	2097373	2102524	1981839	2343827	2193903
AT5G15610.1	Proteasome component (PCI) domain protein	1.27E-02	1.53	182	5	3	48910	39993	23200	28177	39594	42030	48758	39003	56096	58679	69350	66574
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.28E-02	2.04	104	4	1	13636	13593	18094	17960	10984	11664	11664	13192	5546	5739	3715	2204
AT5G54270.1	LHCB3, LHCB3*1 - light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3	1.29E-02	1.50	29	1	1	25604	26268	13167	12660	23587	24954	35413	33727	30378	26307	32212	30836
AT3G17170.1	RFC3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.31E-02	2.39	178	4	4	88411	75921	89990	66083	75483	59250	84638	91879	152801	128411	303014	325521
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	1.33E-02	1.19	86	2	2	160538	152478	183200	193202	160123	164776	186668	184495	196087	183560	238477	213163
AT3G52200.2	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	1.34E-02	1.40	425	8	8	493846	557793	733066	775163	522741	551263	734545	734227	716698	751382	1116698	1038104
AT4G35100.1	PIP3, PIP3A, PIP2;7, SIMIP - plasma membrane intrinsic protein 3	1.35E-02	1.56	295	5	3	906258	957802	414431	454991	693385	734420	1263200	1274784	839564	866210	1115144	1145981
AT2G46810.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	1.35E-02	1.23	70	2	1	51967	41843	54428	50569	53915	59225	41661	42159	43707	47612	45108	33252
AT3G23660.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.40E-02	1.21	271	7	3	117277	110043	103037	110741	117916	123211	108930	105807	104833	83903	77444	83794
AT1G51805.2;AT1G07560.1;AT1G51805.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.40E-02	1.09	212	5	4	171145	167703	161684	173137	171466	185692	154996	164442	162393	167520	145382	148077
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	1.42E-02	4.97	119	2	2	7265	10196	6640	7493	9813	8872	14681	14485	13724	15587	101957	89534
ATCG00840.1	RPL23.1, RPL23 - ribosomal protein L23.1	1.44E-02	1.88	79	3	3	95400	84857	82341	104325	90985	89436	75787	65468	57877	53776	20700	17097
AT5G44820.1	Nucleotide-diphospho-sugar transferase family protein	1.44E-02	1.45	25	1	1	326721	295927	358022	371788	322528	350532	327593	298739	235581	231138	161286	140343
AT3G53900.1;AT3G53900.2	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	1.48E-02	1.55	357	9	8	298030	267615	419627	459584	407701	397380	293723	265442	300311	280513	148839	161730
AT3G26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	1.48E-02	1.56	139	2	1	2222273	2062188	907558	1055758	1838468	1911799	2632657	2634142	2094973	2241296	3219646	2793229
AT1G56450.1	PBG1 - 20S proteasome beta subunit G1	1.52E-02	1.41	152	3	2	115003	122517	160548	168041	123170	127672	120008	117949	101991	94028	86427	60662
AT4G23400.1;AT3G54820.1	PIP1D, PIP1;5 - plasma membrane intrinsic protein 1;5	1.55E-02	1.82	133	4	3	137423	131727	59264	54768	121232	118246	186132	184657	136723	117305	268680	239932
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	1.56E-02	1.44	559	13	12	1862692	1922116	1748095	2010233	1957112	1899563	2076181	2041099	2444206	2411698	3942328	3556741
AT3G58140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase class IIc family protein	1.56E-02	1.42	58	1	1	18950	18276	9234	9465	15784	15497	20864	19962	20673	22959	20793	18619
AT1G11650.2;AT1G11650.1	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.56E-02	1.16	706	15	15	2319398	2254409	2758528	2861672	2479471	2504885	2364386	2415090	2129958	2171594	2039875	1949420
AT2G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	1.57E-02	1.37	223	5	5	272084	276182	287043	299661	272612	260258	290251	296728	338127	366169	510483	479584
AT5G20010.1;AT5G20020.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	1.58E-02	1.14	329	9	9	680978	585869	703378	652035	627783	607892	548155	507669	516061	597216	595706	625245
AT3G57180.1	BPG2 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.58E-02	3.04	39	1	1	5585	6557	5309	5133	6070	6453	6127	7328	10912	14051	35070	33258
AT1G79920.1;AT1G79930.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.58E-02	1.25	119	4	3	376427	406927	397461	396745	383913	425153	548914	598674	502518	481492	478285	362265
AT1G35220.1	unknown protein	1.59E-02	1.38	52	2	2	9235	12585	6974	5883	9878	11394	13954	13788	12033	12650	11888	12841
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	1.59E-02	1.21	935	18	15	1318970	1485800	1174106	1304901	1207373	1219066	1261847	1235934	940194	1035212	992397	880713
AT4G32640.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.61E-02	1.45	188	4	3	125443	123362	90105	102293	114313	130965	95574	90059	88180	97362	53221	50210
AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein	1.62E-02	1.34	158	4	3	91548	98483	99587	124578	88850	97747	62986	62691	66527	60850	105821	90463
AT1G21170.1	SEC5B - Exocyst complex component SEC5	1.63E-02	1.75	102	3	1	2398	2966	2867	3436	2576	2728	2978	4499	3265	4179	5976	8823
AT4G29990.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase protein	1.64E-02	1.98	56	2	1	5638	3195	3223	1203	4099	3447	6729	6509	9206	4035	4980	9630
AT3G05110.1	Domain of unknown function (DUF3444)	1.65E-02	5.14	34	1	1	7156	9780	7927	5834	6575	9031	9631	9482	86095	92821	18710	21169
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	1.66E-02	1.20	721	17	17	832713	816210	611860	597231	756220	741934	816005	837001	835657	833275	993151	927103
AT1G13960.1	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	1.68E-02	1.65	115	2	2	19949	16569	13146	11504	14440	15355	4584	6463	7417	8715	12618	15424
AT1G67090.1;AT1G67090.2	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	1.69E-02	1.24	1020	16	9	5275735	5562793	6802064	7366698	5930054	5942125	5517102	5408449	5092132	5353882	4539100	3950943
AT2G39940.1	EIF2, AteIF3f, eIF3F - eukaryotic translation initiation factor 2	1.71E-02	1.17	905	15	15	1704138	1639702	1719286	1905309	2096977	2123639	1955488	2101943	2222968	2176796	2476617	2141056
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	1.71E-02	1.56	41	1	1	6004	3512	6392	3733	5595	5107	7391	6777	11688	8254	4979	8309
AT3G54360.1	zinc ion binding	1.73E-02	1.28	68	2	2	10830	9373	11698	11441	12089	9581	17770	15263	10614	13302	12608	13579
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	1.73E-02	1.44	993	20	3	156469	162089	252128	252768	225781	196659	140065	171424	113385	101395	165939	175030
AT5G16050.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	1.74E-02	1.18	952	15	3	189431	174242	212131	197299	184239	239245	222181	248331	237631	219839	273364	213834

AT1G04820.1	TUA4, TOR2 - tubulin alpha-4 chain	1.74E-02	1.25	2636	42	1	991237	999680	690804	749542	1012391	890185	1339991	1115297	1079092	1120883	989791	1013156
AT5G60360.1	SAG2, AALP, ALP - aleurain-like protease	1.76E-02	2.81	23	1	1	14824	10350	13836	10028	8201	6392	5893	6853	3073	4726	349	1785
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	1.78E-02	2.24	391	8	8	840686	936015	569031	632767	752524	798521	839773	929818	1280981	1171670	3076788	2834857
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	1.78E-02	1.36	208	3	3	100133	129800	177323	170043	136228	173693	93171	103034	116297	106851	129932	104503
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.79E-02	1.07	1378	21	16	1007721	1024993	1065591	980698	1016035	1043170	984211	952382	912563	880903	977394	1019836
AT1G30230.1;AT1G30230.2	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	1.82E-02	1.53	460	8	5	413299	469938	362808	395154	405047	405267	403666	453705	557464	593083	918118	824393
AT5G38430.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	1.83E-02	1.26	878	16	4	937996	1016385	1113292	1302967	917966	1073011	912720	928352	888663	951910	726941	653233
AT1G15270.1	Translation machinery associated TMA7	1.84E-02	1.35	24	1	1	127793	151636	115133	139488	123697	133763	106884	122182	105759	111141	79138	60193
AT4G35450.1;AT4G35450.4;AT4G35450.5	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	1.84E-02	1.35	443	12	9	629110	642214	583654	636066	788702	780686	790344	725505	794862	815515	1216227	1134828
AT3G25770.1;AT1G13280.1;AT3G25760.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	1.86E-02	1.27	283	6	6	757706	734272	628541	706534	695713	714453	762614	773293	846469	769099	1182917	1028364
AT5G43010.1	RPT4A - regulatory particle triple-A ATPase 4A	1.87E-02	1.31	854	14	1	156650	173581	170927	177132	152200	152462	145799	154716	141785	124443	82290	98770
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	1.87E-02	1.16	328	8	8	147006	153087	142928	179814	139048	150547	188101	198376	177207	176405	166395	152114
AT4G31990.1	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	1.90E-02	1.36	41	1	1	18218	19759	17549	20156	12337	17436	13869	14834	10068	11117	17014	10524
AT1G59830.1;AT1G59830.2	PP2A-1 - protein phosphatase 2A-2	1.90E-02	1.91	182	5	1	17153	10149	8741	11167	8832	16970	17475	13886	31820	12787	31036	32798
AT1G50030.2	TOR - target of rapamycin	1.91E-02	1.53	22	1	1	8843	10325	18819	20439	12134	11300	23501	17915	23608	26629	15276	18143
AT2G25430.1	epsin N-terminal homology (ENTH) domain-containing protein / clathrin assembly protein-related	1.92E-02	1.43	266	6	3	23294	20847	22110	19382	27984	33122	23194	21450	16762	15103	11989	14225
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	1.93E-02	1.17	226	5	2	115048	125748	103718	135346	124251	132526	88386	103097	106876	110690	117116	104157
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	1.98E-02	1.28	265	5	5	258989	292319	245280	231813	253340	262055	299534	293649	291383	267548	434381	386914
AT1G01800.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.04E-02	2.47	42	1	1	1224	2926	2280	3454	2357	1983	2864	4906	2548	4182	8807	11898
AT1G19520.1	NFD5 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	2.04E-02	1.39	57	2	2	24006	28991	19838	18555	21119	21254	21369	25115	34280	30872	33147	41058
AT1G59580.1	ATMPK2, MPK2 - mitogen-activated protein kinase homolog 2	2.06E-02	1.68	100	2	1	15167	17750	10225	14760	18271	17185	7110	9898	13163	14843	6445	4089
AT2G45180.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.06E-02	1.48	43	1	1	30680	25693	20977	16026	29783	25868	36006	32339	43252	51388	25107	32824
AT2G17390.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing 2B	2.07E-02	2.06	173	5	2	24158	18220	19346	10492	18785	16544	21124	22307	31465	23392	65759	57976
AT4G18810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.08E-02	1.68	23	1	1	10384	18299	22816	24290	16036	21899	14076	16808	7082	8994	13125	7520
AT1G45000.1;AT1G45000.2	AAA-type ATPase family protein	2.11E-02	1.28	1004	16	3	422924	407184	482047	487728	416002	382353	414899	380071	366741	359715	250270	259423
AT4G27090.1;AT2G20450.1	Ribosomal protein L14	2.14E-02	1.40	125	3	3	157414	157427	270074	258710	180048	163552	155075	155392	151963	147227	126503	113719
AT1G06220.1;AT5G25230.1	MEE5, CLO, GFA1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	2.18E-02	2.37	711	11	11	2004954	2379654	1379711	1637624	1951177	1981977	2208252	2135519	3070252	3103620	8707225	7619069
AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	2.21E-02	2.38	54	2	2	10059	11980	6153	7249	14009	15431	12030	10510	24206	22019	41156	44488
AT3G14415.1;AT3G14130.1;AT3G14415.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.21E-02	1.53	2985	46	17	6758508	6691852	9121395	8904204	6391483	6369547	6745325	6519905	4923107	5142053	2889836	2700251
AT5G13430.1;AT5G13440.1	Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit	2.22E-02	1.34	75	1	1	104562	88711	73734	64606	88315	87227	105893	95901	91039	101748	148752	137295
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	2.23E-02	1.07	726	17	16	982906	986839	975246	1019925	983661	982231	1100476	1138885	1059804	1040992	1082545	950642
AT5G65770.2;AT5G65770.1;AT5G65780.2	LINC4 - little nuclei4	2.27E-02	1.56	131	4	4	95405	81964	79244	79613	97414	86617	104326	101268	98234	107008	213401	186626
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	2.29E-02	2.21	223	3	1	11933	14212	20473	32678	9514	11978	11396	9318	8785	10009	3158	2859
AT5G39410.1	Saccharopine dehydrogenase	2.30E-02	1.46	84	2	1	30218	32844	45363	44491	34345	35319	23637	31897	18357	34142	29866	14723
AT2G38060.1	PHT4;2 - phosphate transporter 4;2	2.33E-02	2.47	22	1	1	34054	33408	37604	44938	39006	44083	27922	27870	16183	16351	4626	1388
AT2G20280.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.35E-02	1.45	29	1	1	1974	3009	4183	2710	3003	3089	3722	3057	4467	3756	5194	5928
AT5G07350.1	Tudor1, AtTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	2.35E-02	1.34	259	5	3	56354	53592	48302	51788	40353	48303	38603	31262	49061	47763	31272	25091
AT4G04910.1	NSF - AAA-type ATPase family protein	2.36E-02	1.83	187	5	5	29429	31920	41034	45663	38310	31232	31581	25757	20958	25738	8038	6640
AT5G41770.1	crooked neck protein, putative / cell cycle protein, putative	2.37E-02	1.73	85	2	2	35729	21620	29118	22612	29999	20978	39218	30798	29541	35028	71903	70696
AT5G46110.3;AT5G46110.2	APE2, TPT - Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	2.37E-02	1.55	175	3	3	320120	264434	172610	141500	382711	339041	572668	461171	398311	352342	333720	396102
AT2G19280.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.38E-02	1.31	21	1	1	225099	161344	217908	181011	282758	201472	302740	265757	216554	244120	292340	339741
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	2.40E-02	1.36	257	6	6	270040	261492	386811	407264	258589	314233	394240	380781	343652	382034	581329	503104
AT5G36170.1	HCF109, ATPRFB - high chlorophyll fluorescent 109	2.43E-02	1.61	61	2	2	15324	5194	10512	13010	14136	12399	27489	20578	20272	15945	14764	14568
AT1G21660.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	2.45E-02	1.59	39	1	1	3256	3149	4338	5268	4574	3441	2362	3659	2557	3714	1468	1361
AT2G24020.2;AT2G24020.1	Uncharacterised BCR, YbaB family COG0718	2.47E-02	1.25	182	4	2	145557	154043	181656	225495	205573	204077	204774	220368	220752	223546	293887	235182
AT1G55670.1	PSAG - photosystem I subunit G	2.49E-02	1.64	34	1	1	5697	5854	4407	3321	8206	6416	12745	11198	7074	5640	7381	11701
AT3G28715.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	2.49E-02	1.45	183	5	1	26215	28715	12498	11908	21864	15363	31798	29498	27996	22967	29925	27079
AT4G28440.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.52E-02	1.31	38	1	1	10049	7183	11405	11673	11185	8119	11521	15474	12586	13119	15281	10227
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	2.52E-02	1.41	3127	53	12	4199747	3952338	2818605	2686575	3927664	3988689	3884033	4088437	4641942	4454371	6645352	6748117
AT4G17170.1	AT-RAB2, ATRABB1C, ATRAB2A, RAB2A, RABB1C, ATRAB-B1B, RAB-B1B - RAB GTPase homolog B1C	2.52E-02	1.44	87	2	2	212532	198170	159339	158800	211346	170520	237910	226526	208797	193473	385129	351621
AT1G07770.1;AT2G39590.1;AT3G46040.1	RPS15A - ribosomal protein S15A	2.55E-02	1.64	214	5	5	351957	367032	359197	372095	359178	398102	312390	308307	258895	272152	98956	92960
AT3G08940.2	LHCB4.2 - light harvesting complex photosystem II	2.58E-02	2.03	61	2	1	8952	8217	1836	1784	7694	7314	19328	13397	10367	9630	10811	9264
AT3G12800.1;AT2G07640.1	SDRB, DECR - short-chain dehydrogenase-reductase B	2.63E-02	1.42	67	2	1	23279	22031	28892	36827	23630	30890	23037	20287	25161	21066	12237	14434
AT2G22990.3;AT2G22990.1;AT2G22990.2	SNG1, SCPL8 - sinapoylglucose 1	2.63E-02	1.15	89	1	1	106748	130416	112131	139875	106718	115427	106241	111912	92391	105584	97691	103234
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-t	2.70E-02	1.26	50	2	2	71785	64960	47936	48092	68381	62041	52286	52539	53832	45945	40360	42615
AT3G10860.1	Cytochrome b-c1 complex, subunit 8 protein	2.71E-02	1.37	74	2	2	47467	40739	46449	49541	57690	57488	40787	43664	42675	43091	25867	23070
AT1G69800.1;AT1G69800.2	Cystathionine beta-synthase (CBS) protein	2.71E-02	1.10	347	6	6	456401	445121	397251	455282	437756	462816	507736	493931	461139	466999	535911	447794
AT1G69180.1	CRC - Plant-specific transcription factor YABBY family protein	2.71E-02	1.41	26	1	1	287023	357259	419764	448773	335190	401311	289676	276468	330830	348681	172672	172723
AT5G62140.1	unknown protein	2.74E-02	1.29	160	4	3	252985	246853	304427	302581	308055	302805	338762	274213	319336	367139	456334	466786
AT4G09520.1	Cofactor-independent phosphoglycerate mutase	2.74E-02	1.59	25	1	1	22773	18747	30016	28952	30402	27565	28838	13577	23030	15900	10068	8117
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	2.74E-02	1.28	254	3	3	1140297	1141649	1579640	1493926	1268242	1263391	1542324	1456804	1500345	1458472	2299927	1826446
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.75E-02	1.20	155	3	3	335311	350948	415749	516556	377995	415967	312288	326664	357253	367112	326304	313010
AT5G04440.1	Protein of unknown function (DUF1997)	2.76E-02	1.35	44	1	1	10699	12272	8795	12511	8320	13461	9966	13731	17384	16692	15398	15947
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	2.80E-02	1.41	273	4	4	199811	223821	167396	200743	191196	213202	109160	134412	108137	99881	276806	120042
AT3G07630.1	ADT2 - arogenate dehydratase 2	2.81E-02	1.08	326	6	4	247796	232319	218225	243432	240066	256632	261874	259870	249081	257586	281487	244637
AT1G71510.1	SOUL heme-binding family protein	2.82E-02	1.14	251	3	3	463653	498189	569678	617125	566934	545938	473207	486622	521800	498944	435235	435327
AT1G10840.1;AT1G10840.2	TIF3H1 - translation initiation factor 3 subunit H1	2.83E-02	1.09	446	9	9	427086	425586	463505	477164	464614	463021	491350	512968	522820	528093	486777	436252
AT3G13410.1	unknown protein	2.84E-02	1.74	25	1	1	4302	6798	6933	6810	10150	11091	14548	21450	15174	11139	11166	6742
AT2G21160.1	Translocon-associated protein (TRAP), alpha subunit	2.84E-02	1.37	71	1	1	114157	88643	63450	79514	112397	113112	75133	88007	60064	73145	60517	61426
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	2.84E-02	1.26	518	10	9	820707	721343	973269	925284	851517	772694	798981	745641	722102	728878	557269	481219
AT3G60920.1	unknown protein	2.84E-02	1.61	132	3	1	35061	28695	41886	39405	29389	24775	30897	29890	18833	19538	16190	8241
AT1G50120.1	unknown protein	2.84E-02	3.31	39	1	1	9348	7291	2546	4297	9205	8456	9070	8327	12185	12178	58765	35784
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	2.86E-02	1.15	559	10	10	3519631	3060674	4049299	3766813	3479330	3662521	3584936	3364455	3100709	3010648	2883647	2708940
AT5G12980.1	Cell differentiation, Rcd1-like protein	2.89E-02	1.88	32	1	1	18622	24688	22324	26628	21046	18040	13624	17461	16346	15328	3300	3678
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	2.90E-02	1.67	131	4	4	282151	236360	167648	136347	151687	165302	217603	220506	263421	243337	480731	482170
AT4G14030.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	2.92E-02	1.39	62	1	1	16737	19291	21128	21867	22637	20399	13173	11806	10647	10340	14910	26865
AT1G14680.1	unknown protein	2.92E-02	1.45	20	1	1	15307	14075	25383	25226	26794	24391	23045	33833	29809	26185	44816	32596
AT1G24510.2;AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.94E-02	1.31	190	5	5	43824	31682	54033	43534	40837	37007	47154	43691	69294	65285	53401	49187
AT1G06680.1;AT1G06680.2	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	2.94E-02	1.32	289	6	4	128271	184334	274874	291036	189957	199759	283794	275875	294698	268779	286515	263632
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	2.94E-02	1.62	853	20	19	2474639	2284955	1738795	1771720	2314018	2451320	696319	707147	917649	952427	2530448	2242639
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	2.95E-02	1.39	321	6	6	268479	266799	483089	487105	226753	223181	415223	441385	467653	485294	511361	404380
AT3G61260.1	Remorin family protein	2.96E-02	1.35	384	11	9	469360	311408	398500	276230	449691	425655	465918	405319	469043	501790	608386	696971
AT4G03520.1;AT4G03520.2	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	2.97E-02	1.23	162	3	3	164930	173896	222581	240359	189300	199755	235847	242580	284103	279163	213214	204229
AT4G20940.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	2.98E-02	1.38	24	1	1	99798	66460	97652	83141	66624	51774	68666	53377	51336	65401	47164	50594
AT4G29670.1	ACHT2 - atypical CYS HIS rich thioredoxin 2	2.98E-02	1.42	50	2	1	5990	6615	5137	5111	7077	5196	12693	9628	6221	7176	6080	8175
AT3G16140.1;AT1G52230.1	PSAH-1 - photosystem I subunit H-1	2.99E-02	1.22	70	2	2	27151	31231	29582	35642	41020	40160	39373	39099	45434	47449	43552	35400
AT1G52510.1;AT1G52510.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.01E-02	1.14	267	4	4	436047	454366	475346	538913	515928	487636	448884	465698	434237	426132	430961	350946
AT2G35110.1	GRL, NAP1, NAPP - transcription activators	3.03E-02	2.36	26	1	1	799341	1071379	703956	837517	833814	905329	613032	665710	373744	442412	42999	44054
AT2G46910.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	3.05E-02	1.21	84	2	2	105599	104369	116421	137133	111554	114990	148042	176912	133844	132468	131681	112260
AT5G19310.1	Homeotic gene regulator	3.05E-02	2.00	20	1	1	10767	19715	19792	23564	13824	19552	14828	20845	7032	6098	2894	2012
AT2G23180.1;AT4G39480.1	CYP96A1 - cytochrome P450, family 96, subfamily A, polypeptide 1	3.06E-02	1.77	28	1	1	8161	7930	9027	3976	9011	8617	6002	4909	6651	4842	1972	2031
AT2G04630.1;AT5G51940.1	NRPB6B, NRPE6B - RNA polymerase Rpb6	3.08E-02	1.58	50	2	2	81162	77314	127339	123001	93235	91624	66659	64959	100325	78484	33122	32346
AT5G21170.1;AT5G21170.2	AKINBETA1 - 5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	3.11E-02	1.68	175	3	3	156958	163145	133185	177269	132831	144646	143947	162214	211022	232488	406446	373472
AT1G73810.1	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein	3.13E-02	1.71	22	1	1	6428	4162	7378	9528	6953	4859	4344	3219	4002	7167	2725	1572
AT4G14880.1	OASA1, OLD3, CYTACS1 - O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A1	3.14E-02	1.48	148	4	3	86946	70821	128734	121478	80465	78189	81640	84244	64654	65729	49316	38320

AT2G14120.1;AT2G14120.3	DRP3B - dynamin related protein	3.16E-02	1.25	496	9	6	124709	136622	144065	119863	136310	150713	139566	116665	113823	114330	89618	75304
AT1G52240.1	ATROPGEF11, ROPGEF11, PIRF1 - RHO guanyl-nucleotide exchange factor 11	3.16E-02	1.46	25	1	1	2891	2572	2330	2489	2921	3715	3319	3584	3651	2917	4360	6800
AT4G32260.1	ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	3.19E-02	1.17	59	2	2	88605	76733	83072	94397	83991	96966	95007	119035	110622	99102	104543	83855
AT2G38770.1	EMB2765 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.21E-02	1.38	89	3	1	4812	9299	4640	8732	7758	8891	9366	10658	11322	11191	10275	7915
AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family protein	3.22E-02	4.33	198	2	1	22043	17355	5002	11549	10492	7738	11992	14010	27552	28661	117151	121463
AT3G53130.1	LUT1, CYP97C1 - Cytochrome P450 superfamily protein	3.25E-02	1.31	242	6	5	118110	126490	72972	89114	123393	125680	154881	159066	124519	157044	152709	109952
AT1G73460.1	Protein kinase superfamily protein	3.26E-02	2.08	95	3	1	8401	8884	7341	5782	7069	9991	8820	8794	12062	12431	17980	38586
AT1G25460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.27E-02	2.35	32	1	1	246036	240430	191677	173637	185276	181671	259116	239471	283292	259924	951582	867920
AT4G36810.1	GGPS1 - geranylgeranyl pyrophosphate synthase 1	3.29E-02	1.41	28	1	1	24411	23402	20386	23244	25768	22589	23581	27656	31387	24048	42716	47205
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	3.29E-02	2.11	44	1	1	8206	5068	11974	13099	6326	6513	5030	6781	4519	5113	1994	823
AT5G04020.1	calmodulin binding	3.30E-02	1.47	61	2	2	40706	33200	74899	49954	36802	37956	39669	33976	35148	23395	28876	24379
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	3.31E-02	1.18	292	7	3	297014	359347	248568	285230	267731	284335	398867	382463	346223	329852	306413	300718
AT5G01600.1	ATFER1, FER1 - ferretin 1	3.32E-02	1.31	171	4	4	311896	394417	351780	354672	340872	346654	238118	220179	202753	199525	379438	365016
AT5G17970.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	3.36E-02	1.64	43	2	2	104335	71565	65373	79911	82945	75309	84123	97212	98663	99302	218410	188883
AT4G10340.1	LHCB5 - light harvesting complex of photosystem II 5	3.37E-02	1.56	119	3	3	65265	113594	29293	35070	54119	85380	113920	116214	88520	77454	105817	95392
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	3.38E-02	1.37	132	3	3	32911	47853	63203	57961	44937	41308	41606	37288	34097	42599	27641	26760
AT5G12110.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	3.38E-02	6.84	251	4	1	6302	7166	1618	4674	2355	2227	4732	4553	12011	7027	73091	64971
ATCG01120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	3.41E-02	1.29	140	2	2	103799	121874	114967	137812	108602	123754	120116	145108	126070	135489	186387	205427
AT3G10410.1	SCPL49, CPY - SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49	3.48E-02	1.22	83	2	2	13511	16354	15441	13049	17433	19478	18115	20444	17843	16448	19388	24307
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	3.49E-02	2.25	140	3	3	244176	243443	180308	225007	267181	258778	234729	228601	405724	416707	1000909	911767
AT5G59290.2	UXS3, ATUXS3 - UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	3.49E-02	1.67	27	1	1	25140	25413	43173	52237	35244	35874	28897	31330	23817	24124	9310	12262
AT1G75990.1	PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	3.52E-02	1.39	581	11	4	109431	122734	60075	78579	82036	84670	56308	73380	76731	73267	60471	47527
AT3G57380.1	Glycosyltransferase family 61 protein	3.53E-02	2.94	24	1	1	70673	112877	57503	90303	111054	189232	123845	174582	133466	146662	732090	546503
AT5G60460.1	Preprotein translocase Sec, Sec61-beta subunit protein	3.53E-02	1.52	80	2	2	9696	7112	14218	10159	11057	10992	6564	11374	7346	8185	4452	3648
AT3G59400.1	GUN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	3.53E-02	1.22	203	4	4	210567	199978	217780	243996	196780	204990	279611	292950	305765	270326	205863	205208
AT5G52580.2;AT5G52580.1	RabGAP/TBC domain-containing protein	3.57E-02	1.50	190	3	3	101365	96493	114464	147344	121639	127133	103427	113861	84269	87953	39530	43818
AT3G56660.1	BZIP49 - basic region/leucine zipper motif protein 49	3.60E-02	2.18	24	1	1	10978	7823	8649	5966	13139	12319	8796	7650	5026	2940	497	2063
AT1G24560.1	unknown protein	3.61E-02	4.90	51	1	1	4140	5479	1874	3705	4696	4326	6864	5768	3702	9965	60548	31758
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	3.61E-02	1.86	629	14	13	1834397	1701319	1703970	1423907	1759551	1539981	1784126	1662183	2254317	2461092	5121294	5267190
AT3G56090.1	ATFER3, FER3 - ferritin 3	3.62E-02	1.46	203	4	4	93630	93810	129023	139941	87896	90949	94711	96478	79841	75983	49307	40026
ATCG00380.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	3.62E-02	1.18	586	13	13	2095794	2391123	2311414	2357158	2166519	2154549	2074851	2293665	2006196	1988087	1502781	1534999
AT4G09620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	3.65E-02	1.45	30	1	1	10939	15081	7309	6618	9417	12386	12701	12964	12886	13268	23146	14420
AT1G75100.1	JAC1 - J-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	3.65E-02	2.65	290	4	4	254669	221322	142258	156580	158973	158504	199537	214659	283189	266294	1034837	899909
AT1G31930.1	XLG3 - extra-large GTP-binding protein 3	3.65E-02	1.43	75	2	2	657423	319693	690245	501943	520421	408954	510033	325683	339456	350281	333349	314287
AT3G19950.1	RING/U-box superfamily protein	3.66E-02	1.24	31	1	1	56360	67529	52751	76497	63220	54417	45482	49429	53227	41636	66047	43166
AT1G48850.1;AT1G48850.2	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	3.66E-02	1.20	199	4	4	97103	77896	107194	84305	80725	80689	73766	64334	67401	67290	91834	77097
AT4G35980.1	unknown protein	3.69E-02	2.87	23	1	1	13667	13166	5255	5667	4216	5474	9240	5905	17066	19313	40366	44062
AT3G43470.1	zinc ion binding;nucleic acid binding	3.69E-02	2.00	20	1	1	2150	681	2144	1993	4776	1536	7624	4934	2015	4882	4009	3034
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	3.69E-02	1.92	205	4	4	234681	272808	155692	151866	224764	239942	257893	241856	290371	259684	693420	709096
AT1G64190.1;AT5G41670.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	3.69E-02	1.98	42	1	1	6232	5808	8481	7073	7384	6959	6562	4739	5055	3251	539	982
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	3.72E-02	2.34	299	7	2	51206	48066	14879	16047	54971	59710	3601	6263	6916	3033	57444	27236
AT4G30010.1	unknown protein	3.72E-02	1.27	60	2	2	37659	31765	48979	44036	53763	49525	40631	38175	30127	33074	31259	36647
AT1G80780.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	3.74E-02	1.33	22	1	1	44714	49787	30896	39055	41884	43268	36510	44764	30630	26869	28056	20592
AT4G15545.1	unknown protein	3.74E-02	1.74	1388	23	21	6387279	6281202	5839240	5887903	5890544	5939977	6096779	5998201	8865066	8258009	16689782	17201666
AT2G30050.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.75E-02	1.27	178	6	4	60012	52952	69842	81152	72423	60413	49154	58094	58458	64474	38430	43292
AT5G02160.1	unknown protein	3.75E-02	1.28	259	5	5	277954	178894	289169	230430	321018	256551	390194	320980	355727	360181	252986	304517
AT2G37620.1	ACT1, AAc1 - actin 1	3.76E-02	1.13	1930	38	4	1160285	1344459	991159	1063796	1172705	1292138	1348215	1399159	1307674	1298591	1390342	1191900
AT3G56190.1;AT3G56190.2	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	3.76E-02	1.19	245	4	4	127129	127380	97458	98380	131392	126065	142513	155053	120313	122499	150307	148167
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	3.78E-02	1.19	536	12	12	303207	343608	346836	428430	368976	396819	311066	366401	251421	284969	324884	306483
AT5G59610.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	3.81E-02	2.73	194	4	3	75445	75520	54630	66430	61748	61134	66469	65022	116359	117101	377593	335914
AT5G67630.1;AT3G49830.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.85E-02	1.37	134	4	4	68377	46540	57271	54357	55972	62189	62546	61441	76823	61701	119510	90494
AT3G62290.1	ATARFA1E, ARFA1E - ADP-ribosylation factor A1E	3.86E-02	1.17	487	12	1	101011	109837	111918	120883	125790	122294	106255	103124	118711	96408	79010	89443
AT3G26400.1	EIF4B1 - eukaryotic translation initiation factor 4B1	3.94E-02	1.84	82	2	1	15686	19275	27135	24372	20579	14136	2216	5981	3029	4472	26065	23977
AT3G25800.1;AT3G25800.2	PDF1, PR 65, PP2AA2 - protein phosphatase 2A subunit A2	3.95E-02	1.20	597	12	3	101419	130321	83510	83473	109276	107535	114422	128366	117948	109047	142826	125494
AT4G14110.1	COP9, CSN8, FUS7, EMB143 - COP9 signalosome, subunit CSN8	3.96E-02	1.10	359	6	6	461761	489694	409650	469890	405919	462068	419122	435839	395773	429912	402221	373675
AT2G39020.1;AT2G39030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	4.02E-02	1.15	367	8	8	1021382	1089573	872386	900881	1031293	1094186	1086183	1089522	1118094	1128524	1404023	1062704
AT1G51100.1	unknown protein	4.02E-02	1.18	388	8	8	188315	197173	243861	243575	168328	175497	268138	251672	232696	253084	212164	222511
AT1G74960.1	FAB1, KAS2, ATKAS2 - fatty acid biosynthesis 1	4.03E-02	1.31	129	3	3	107990	111132	64914	66708	94278	100546	109751	103192	106216	108252	161184	128336
AT5G56350.1;AT4G26390.1	Pyruvate kinase family protein	4.03E-02	1.95	71	2	2	15910	17974	24723	24511	16870	19448	15410	16572	13987	11027	2195	2172
AT5G52840.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	4.04E-02	1.77	62	2	2	21810	21996	25346	32914	24194	23639	24987	29662	29637	35060	71392	74046
AT2G44820.1	unknown protein; Has 70 Blast hits to 70 proteins in 25 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 9; Fungi - 4; I	4.05E-02	1.37	23	1	1	51976	57084	44245	42527	57708	37140	60661	65677	50852	49313	73605	98969
AT5G09390.1	CD2-binding protein-related	4.06E-02	1.90	319	6	6	352345	347824	233915	258091	287877	301616	297603	307801	424508	441328	861581	1061134
AT2G23350.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	4.09E-02	1.32	494	11	11	445707	451819	719930	787922	603648	588478	473795	471611	495114	529619	390631	368886
AT1G80930.1	MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	4.12E-02	2.78	79	2	2	12445	20269	11168	15516	12340	18241	12198	18397	22609	32994	80198	83348
AT5G64370.1	BETA-UP, PYD3 - beta-ureidopropionase	4.12E-02	1.58	49	2	2	15599	9272	9784	11411	13790	8730	3964	4977	4852	4117	15568	9970
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	4.14E-02	1.39	134	3	3	107786	91332	95750	96380	95219	99284	105869	91955	123067	117103	181776	196134
AT1G55280.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	4.15E-02	1.61	26	1	1	6211	7056	3729	4730	8968	8350	8975	10229	7089	7190	18457	11064
AT3G15880.1	WSIP2, TPR4 - WUS-interacting protein 2	4.16E-02	1.11	740	18	9	346739	363113	334619	361719	374562	413534	326721	347633	348030	357088	308775	289592
AT2G18410.1;AT2G18410.2	unknown protein	4.17E-02	5.89	122	2	2	12702	22617	11277	18486	7572	17361	14950	28577	21283	25928	237472	202194
AT1G54270.1;AT1G54270.2	EIF4A-2 - eif4a-2	4.19E-02	1.33	1291	24	2	38571	45537	53183	63614	45999	52393	43365	51046	41286	35979	28331	25732
AT5G14320.1;AT5G14320.2	Ribosomal protein S13/S18 family	4.20E-02	1.21	164	5	5	169775	146188	245088	208034	155351	158546	238008	241842	213377	216587	202311	198511
AT4G30220.1;AT4G30220.2	RUXF - small nuclear ribonucleoprotein F	4.22E-02	1.42	80	2	2	333484	368490	276511	353823	307504	324963	313652	341792	424141	447901	514008	752056
AT2G30520.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	4.23E-02	1.61	312	7	1	32230	43663	22924	19314	27554	32084	66010	63997	41692	55923	30691	27349
AT5G17990.1	TRP1, pat1 - tryptophan biosynthesis 1	4.27E-02	1.32	86	2	2	18613	13995	15436	14918	20042	16048	16831	15438	14732	9882	8525	9512
AT3G10380.1	SEC8, ATSEC8 - subunit of exocyst complex 8	4.28E-02	1.89	296	6	6	117651	103745	68056	78847	99411	116784	112723	104476	126294	126082	322598	313418
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	4.33E-02	1.31	98	2	2	76988	80593	95152	111080	103525	100948	98367	109453	110476	102780	172123	154082
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	4.36E-02	1.19	529	9	8	844021	962971	1113279	1207815	1070950	1013407	984258	951626	880286	950341	716720	732608
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	4.39E-02	1.27	402	7	6	347571	357451	560157	636846	331551	359837	511295	520680	587741	554393	588769	527992
AT1G36160.1;AT1G36180.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	4.43E-02	1.12	1412	33	33	1354146	1348036	1159820	1238069	1317671	1354394	1291773	1269404	1085199	1072698	1222262	980621
AT2G31610.1	Ribosomal protein S3 family protein	4.44E-02	1.62	207	5	1	109471	122771	158881	147488	134413	127072	111687	131170	97513	90810	36508	27146
AT3G52380.1	CP33, PDE322 - chloroplast RNA-binding protein 33	4.44E-02	1.41	818	15	15	3652827	3547177	3209754	3476279	3389194	3445156	3384826	3539572	4446567	4071151	7025576	6819373
AT1G58290.1	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	4.45E-02	1.34	172	4	2	25701	25597	27002	32634	34535	34636	35154	32075	33951	32728	58993	47904
AT5G65685.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	4.46E-02	1.15	445	9	8	522411	547970	487849	535186	542025	547115	515844	534900	474178	481481	385106	364681
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.50E-02	1.65	132	3	1	26899	27052	53937	59519	30861	28520	26966	27505	26309	30368	11994	14050
AT5G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	4.51E-02	1.32	371	8	7	216310	263209	124800	154159	246931	238840	250814	256249	247168	258274	344582	281922
AT3G08510.1;AT3G08510.3;AT3G55940.1	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	4.54E-02	1.51	582	13	13	1927552	1878940	1414576	1507434	1587662	1558180	1637762	1708308	2123688	2073241	3979270	3383388
AT1G24190.1	SIN3, ATSIN3, SNL3 - SIN3-like 3	4.57E-02	1.34	35	1	1	9408	6882	5688	6582	8367	9190	9811	7745	10735	8085	10743	14676
AT1G35470.1	SPla/RYanodine receptor (SPRY) domain-containing protein	4.58E-02	1.81	26	1	1	28649	22994	22562	16309	23619	14184	23022	19774	35086	32002	45656	76331
AT2G36830.1	GAMMA-TIP, TIP1;1, GAMMA-TIP1 - gamma tonoplast intrinsic protein	4.58E-02	1.69	26	1	1	234550	166958	114116	80375	206465	147496	208524	207717	206378	163908	430950	384376
AT4G37830.1	cytochrome c oxidase-related	4.61E-02	1.11	48	2	1	118676	117849	98721	101094	109254	124660	110434	104417	95395	96273	92893	102104
AT4G30160.1	VLN4, ATVLN4 - villin 4	4.62E-02	1.55	28	1	1	10292	5252	11078	5725	8655	9113	7801	6359	4948	6337	4162	2674
AT1G01790.1	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	4.63E-02	1.48	409	10	6	151733	143235	108195	107868	197053	195648	194672	211806	162036	151250	329254	286799
AT2G20260.1	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	4.65E-02	1.55	44	1	1	2340	2924	6088	5402	1715	1225	4169	5692	5453	5500	4708	5021
AT5G04140.1;AT5G04140.2	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	4.67E-02	1.09	765	17	16	929860	857900	925718	905218	810412	871770	883616	881115	802312	804087	771204	719879
AT4G25350.1	SHB1 - EXS (ERD1/XPR1/SYG1) family protein	4.67E-02	2.15	26	1	1	10607	13396	5250	13778	8349	11764	7874	13262	25752	21962	48391	18750

AT5G27560.1	Domain of unknown function (DUF1995)	4.68E-02	1.54	104	2	2	45942	23837	31658	20091	35948	27472	37710	27698	48417	38790	68410	63108
AT5G54160.1	ATOMT1, OMT1 - O-methyltransferase 1	4.68E-02	1.21	30	1	1	28774	28738	30084	26838	29764	29873	35269	24786	20289	21396	23654	18974
AT5G03290.1;AT3G09810.1	IDH-V - isocitrate dehydrogenase V	4.70E-02	1.28	267	5	5	171670	156305	153169	154628	139281	144870	162410	144377	123452	125055	76035	86936
AT2G22360.1	DNAJ heat shock family protein	4.70E-02	1.87	44	2	2	8066	5745	2222	4791	10722	6771	8936	8566	7653	7978	20637	17887
AT1G08190.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	4.72E-02	2.11	263	5	5	129109	145571	122407	106974	153728	156143	135226	133757	191576	218040	560352	481060
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	4.74E-02	1.98	415	7	5	392168	363356	241357	252338	288052	326012	354885	322562	393394	427447	1256480	939109
AT5G05780.1;AT5G05780.2	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	4.78E-02	1.23	491	9	4	206252	215149	283086	294297	207288	217365	218511	209429	198144	201920	186171	142949
AT4G28910.1	NINJA - novel interactor of JAZ	4.80E-02	1.90	200	5	5	83237	75112	70955	92004	75254	68836	79931	71704	119619	107648	268299	239147
AT5G43330.1;AT1G04410.1;AT5G56720.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	4.81E-02	2.00	55	2	1	6983	12518	4073	4381	7271	9721	6393	4875	1420	6823	2050	876
AT3G12345.1	unknown protein	4.81E-02	1.38	42	1	1	5870290	4942229	8433402	8602477	6639707	6810879	6491379	5557666	5532957	5731190	3553768	3076884
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	4.89E-02	1.31	115	4	2	21867	25388	21598	32788	24898	22929	16352	13978	19188	17750	31352	15529
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	4.89E-02	1.14	585	11	9	797133	707481	851560	879909	797403	813290	894584	929589	836560	806133	1129699	931535
AT4G24830.1;AT4G24830.2	argininosuccinate synthase family	4.89E-02	1.25	161	3	3	90817	80663	116109	123263	114269	124877	81094	85024	106641	100767	72496	75513
AT3G63370.1	OTP86 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.92E-02	30.95	23	1	1	242	748	6	725	0	87	587	294	355	396	28926	25425
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	4.93E-02	3.25	234	4	2	83107	90918	82022	86022	101696	100858	102252	88703	138536	150385	679157	612403
AT4G32410.1	CESA1, RSW1, AtCESA1 - cellulose synthase 1	4.93E-02	1.55	86	1	1	7852	13663	3490	5784	5609	7566	6600	11391	12839	9410	13971	13743
AT1G31320.1	LBD4 - LOB domain-containing protein 4	4.95E-02	1.43	21	1	1	249931	233971	285254	292321	264503	204131	226561	232908	229431	191826	87157	99793
AT2G04520.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	4.98E-02	2.10	44	1	1	14807	11674	10145	9264	7582	7988	8889	12275	17283	13265	38591	38539
AT1G10940.1;AT1G10940.2	ASK1, SNRK2-4, SNRK2.4, SRK2A - Protein kinase superfamily protein	5.00E-02	2.58	149	4	3	155372	161549	74889	74047	145749	145000	142649	134315	198958	167524	653695	654870
AT3G05340.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.01E-02	2.09	21	1	1	10810	6568	5458	2533	5802	2931	2248	1031	4500	4497	951	3103
AT1G76010.1	Alba DNA/RNA-binding protein	5.01E-02	1.44	102	2	2	81324	83380	64125	55728	86267	110095	95728	115701	91223	75410	163414	152534
AT1G71410.1;AT1G22870.1	ARM repeat superfamily protein	5.02E-02	1.63	90	2	2	25910	18904	23057	24066	29044	30486	24798	21546	18233	16721	4599	7196
AT3G12000.1	S-locus related protein SLR1, putative (S1)	5.02E-02	1.23	21	1	1	76773	71674	78734	86538	67294	77986	74583	80341	60944	63804	49905	43374
AT4G29060.1;AT4G29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	5.03E-02	1.35	1051	21	21	873897	826204	1271546	1320864	840641	849925	1092890	1065116	1138843	1232654	1873124	1645185
ATCG00490.1;ATCG07732.1;ATMG00280.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	5.04E-02	1.10	2792	45	44	65696006	63921767	78091237	79903890	69872812	69782782	68087006	67905156	62573265	63235061	66244602	60114664
AT4G17770.1;AT1G23870.1	ATTPS5, TPS5 - trehalose phosphatase/synthase 5	5.04E-02	3.80	167	5	4	41656	33397	20878	19003	45818	34564	42171	37571	45897	44950	290209	281858
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	5.07E-02	1.18	1949	42	32	5148495	5100103	3824563	3905377	5174744	5220173	5484429	5362249	5053380	4896844	6388451	6220553
AT1G63770.5;AT1G63770.1	Peptidase M1 family protein	5.10E-02	1.44	23	1	1	24391	30589	22703	38674	33767	26491	25496	31974	18845	22137	10548	13827
AT4G01050.1	TROL - thylakoid rhodanese-like	5.11E-02	1.53	38	1	1	2788	3752	4363	5032	6273	6646	10488	9568	4400	5695	6008	8046
AT4G10380.1	NIP5;1, NLM6, NLM8 - NOD26-like intrinsic protein 5;1	5.17E-02	5.33	23	1	1	8725	2355	5707	3169	2661	9656	3891	5753	10471	14691	53120	83960
AT3G16470.3	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	5.19E-02	1.21	54	1	1	27281	27398	21935	28568	22975	24150	24892	25443	33435	31110	29973	39044
AT5G23860.1	TUB8 - tubulin beta 8	5.20E-02	1.23	3491	60	2	110585	89653	74031	66745	94517	114533	137805	104752	107923	104440	104162	114887
AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	5.21E-02	1.29	66	2	1	31964	23427	30325	28582	29956	32989	41026	35188	31250	35825	55408	29109
AT1G59865.1	unknown protein; Has 35333 Blast hits to 34131 proteins in 2444 species: Archae - 798; Bacteria - 22429; Meta	5.21E-02	1.19	28	1	1	300379	285577	259276	245515	293663	293780	273204	249903	274105	233806	164074	209826
AT1G29790.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	5.24E-02	1.47	31	1	1	100939	96330	146491	127337	87910	73777	110771	76153	90149	51333	37488	66014
AT5G48880.1;AT1G04710.1;AT5G48880.2	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	5.25E-02	1.11	479	10	10	675555	651493	737320	815638	639966	668751	629518	621205	592622	606196	718693	600560
AT3G11400.1;AT5G06000.1	EIF3G1, ATEIF3G1 - eukaryotic translation initiation factor 3G1	5.26E-02	1.69	79	2	2	6396	13177	17439	15168	14941	7536	12173	14013	17767	18708	29683	33857
AT1G66200.1;AT1G66200.2	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	5.29E-02	1.20	594	8	3	490831	520901	543228	552852	528267	547880	512703	517165	508277	426955	293049	385196
AT3G51130.1	unknown protein	5.29E-02	1.50	71	1	1	26327	24513	27458	25190	33393	32271	24253	26641	23290	21893	8666	7831
AT1G09020.1	SNF4, ATSNF4 - homolog of yeast sucrose nonfermenting 4	5.30E-02	1.20	319	8	6	490052	481768	343948	312739	357526	401147	324341	317195	337023	321816	328013	359390
AT4G32160.1	Phox (PX) domain-containing protein	5.31E-02	1.86	56	1	1	4462	3135	3142	6063	2923	4734	1255	3106	3359	4439	404	554
AT1G04640.1	LIP2 - lipoyltransferase 2	5.32E-02	1.57	27	1	1	195079	208252	282495	310745	192422	178163	205778	221630	161641	153278	57381	70197
AT2G19390.1	unknown protein	5.33E-02	1.55	26	1	1	22504	18703	23139	33064	20036	13786	19806	17547	14584	17757	8227	6555
AT3G59970.3;AT3G59970.1	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	5.35E-02	1.17	351	6	5	221020	252409	243351	260223	230798	245637	252945	251362	189562	204384	161175	180915
ATMG00510.1	NAD7 - NADH dehydrogenase subunit 7	5.36E-02	1.26	68	1	1	68104	71607	42974	46187	77354	73903	77169	69876	78934	71895	86550	93618
AT3G10310.1	P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein with CH (Calponin Homology) domain	5.37E-02	1.66	28	1	1	18938	1945	9620	4443	7268	7990	19064	13950	11016	15170	12565	11499
AT5G58490.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.39E-02	1.24	32	1	1	6584	5525	5588	4552	5695	5508	5001	6539	6200	6933	8629	8314
AT1G75200.1	flavodoxin family protein / radical SAM domain-containing protein	5.41E-02	1.61	37	1	1	21632	10939	22333	14808	12628	8837	15361	17364	42394	18476	27006	26015
AT1G76880.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	5.42E-02	1.27	289	6	5	100834	109023	94118	89370	92830	74516	104375	98356	99264	114180	121444	176955
AT5G63510.2;AT3G48680.1	GAMMA CAL1 - gamma carbonic anhydrase like 1	5.46E-02	1.80	26	1	1	33403	36108	58568	50899	46951	38690	37890	32421	33969	31061	5064	6967
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	5.50E-02	1.28	215	3	3	336066	362838	247068	247936	332808	325074	499188	464864	394387	392739	324717	287097
AT2G31890.1	ATRAP, RAP - RAP	5.51E-02	1.80	36	1	1	5112	4892	2820	1873	3284	3860	5270	3647	4775	4138	9053	12335
AT4G38590.2	BGAL14 - beta-galactosidase 14	5.53E-02	1.61	37	1	1	4232	4588	7170	4394	4822	4348	3263	6529	3012	3401	1045	1145
AT3G55650.1;AT3G55810.1	Pyruvate kinase family protein	5.54E-02	1.30	22	1	1	35730	38330	31005	43809	28391	23728	31983	38817	48117	37663	54402	50894
AT2G47840.1	Uncharacterised conserved protein ycf60	5.57E-02	1.40	45	1	1	6941	6574	3050	4111	6863	7560	7584	11406	6280	8720	7831	7312
AT2G28360.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	5.59E-02	2.39	254	5	5	117286	251654	101597	140513	148875	197283	140359	182131	224887	259189	793898	688185
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	5.61E-02	1.54	2395	45	39	2755127	2677307	2275043	2184614	2615610	2495142	2520614	2437586	3152296	3147977	6204174	5589122
AT4G13430.1	IIL1, ATLEUC1 - isopropyl malate isomerase large subunit 1	5.61E-02	1.21	69	2	2	96782	113541	71089	88770	75315	86586	77379	87244	65723	74943	60296	73027
AT4G30110.1	HMA2, ATHMA2 - heavy metal atpase 2	5.63E-02	1.80	22	1	1	36254	30069	25479	21345	26399	27674	30653	29777	34924	32720	88570	84796
AT2G47910.1	CRR6 - chlororespiratory reduction 6	5.64E-02	1.45	223	4	4	70974	70518	99828	116686	86038	90966	71534	85236	77187	70558	33210	31418
AT1G53210.1	sodium/calcium exchanger family protein / calcium-binding EF hand family protein	5.64E-02	1.23	20	1	1	33606	36213	26911	25643	42697	41382	49767	44089	34095	46038	40302	40259
AT3G26230.1	CYP71B24 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 24	5.65E-02	1.21	43	2	2	20693	29052	18797	16404	26474	26211	25514	27622	25258	28396	30282	29443
AT1G60950.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	5.65E-02	1.44	74	1	1	540990	390439	480920	284365	385720	325173	422953	408045	610607	440754	730252	849110
AT1G09310.1	Protein of unknown function, DUF538	5.67E-02	1.11	34	1	1	38245	39326	43965	46554	47756	49023	44786	48228	50124	53393	52681	45989
AT4G33740.1	unknown protein	5.68E-02	7.91	198	5	5	10147	8118	4338	4733	7453	6908	7821	8158	9683	14218	121116	168674
AT1G11750.1;AT1G11750.2	CLPP6, NCLPP1, NCLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	5.71E-02	1.16	484	7	7	1218780	1221432	1438859	1487917	1316917	1427719	1330458	1344288	1221103	1177127	1009453	930668
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	5.72E-02	1.24	825	15	5	173403	193796	232827	263343	194224	214375	199401	214677	162662	180451	145611	124511
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	5.73E-02	2.20	43	1	1	9837	8397	5232	7703	12011	8926	13133	14021	8908	7750	30671	40363
AT3G46740.1	TOC75-III, MAR1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 75-III	5.77E-02	1.28	124	4	4	74065	72800	54537	56751	104025	92889	108746	103432	76896	84887	118844	91583
AT2G27210.1	BSL3 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 3	5.78E-02	1.73	631	15	2	5287	8383	3480	3565	9087	7900	7377	5616	8656	10590	18774	14112
AT5G08650.1	Small GTP-binding protein	5.80E-02	1.21	142	3	2	80687	86915	53470	54082	82017	75611	95211	75813	84565	93796	83021	90145
AT5G16810.1	Protein kinase superfamily protein	5.80E-02	1.18	265	6	6	136048	146907	127204	121112	137929	123085	135354	140636	139786	145279	164967	205668
AT1G73720.1	SMU1 - transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.85E-02	1.60	21	1	1	451	538	1309	2026	1368	1232	1306	2633	2095	1422	1503	2111
AT4G33630.1	EX1 - Protein of unknown function (DUF3506)	5.87E-02	2.49	71	2	2	44736	43452	29403	28723	42460	41490	42750	36439	55974	52470	187517	197251
AT2G43945.1	unknown protein	5.88E-02	1.39	310	5	3	116812	114832	158581	137557	123575	114043	129391	118363	104916	98585	49126	49640
AT5G13850.1	NACA3 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	5.88E-02	2.98	347	6	4	104940	159286	96730	120890	138740	194482	112555	121228	276974	265917	594975	1054103
AT5G56010.1	HSP81-3, Hsp81.3, AtHsp90-3, AtHsp90.3 - heat shock protein 81-3	5.89E-02	1.52	2053	38	1	3294	2794	1946	3096	6747	5256	8176	5263	4238	3942	6099	7389
AT3G14420.1;AT3G14420.3;AT3G	Aldolase-type TIM barrel family protein	5.92E-02	1.38	2697	47	18	5643659	5175361	6876965	7214426	5132100	5037803	5638645	5683903	4772625	4482614	2608832	2314268
AT2G31840.1	Thioredoxin superfamily protein	5.94E-02	13.11	30	1	1	1342	496	390	1347	576	497	942	425	3752	1334	30446	24047
AT4G02080.1	ASAR1, ATSARA1C, ATSAR2, SAR2 - secretion-associated RAS super family 2	5.96E-02	1.21	469	12	3	52320	56935	64524	57769	63743	66179	48314	59418	49701	52359	56716	32204
AT5G12840.2;AT5G12840.1	HAP2A, ATHAP2A, NF-YA1 - nuclear factor Y, subunit A1	5.98E-02	5.35	44	1	1	7097	3282	1948	3786	4184	4246	6791	2313	6079	11208	48393	56485
AT2G33760.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	6.02E-02	1.70	25	1	1	22248	23548	34872	41888	21582	22058	25144	16340	23098	22620	5234	5523
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	6.03E-02	1.12	4106	61	58	34209089	32601278	35087214	36727296	34546333	35116562	36594160	35750393	29658694	29587251	28312792	26415043
AT1G61250.1	SC3 - secretory carrier 3	6.07E-02	1.93	101	2	2	80955	101436	28238	49624	71966	88108	57148	66077	39593	32116	14016	8675
AT4G18480.1;AT5G45930.1	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHLI-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.07E-02	1.23	399	8	8	368699	277259	496751	462445	389336	398988	512943	490940	586390	529557	416908	405533
AT1G61140.1	EDA16 - SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein / zinc finger protein-related	6.08E-02	1.73	23	1	1	181309	260443	192787	339025	207788	203925	203294	211156	177023	137818	30435	41995
AT5G54870.1	unknown protein	6.14E-02	1.24	42	1	1	20317	19592	13764	15937	23501	16873	25062	16809	22278	25734	25958	20644
AT1G14410.1	ATWHY1, PTAC1, WHY1 - ssDNA-binding transcriptional regulator	6.15E-02	1.15	379	8	7	563052	587507	663308	756232	647848	671402	644197	613072	578057	575581	523761	459300
AT1G65960.2;AT1G65960.1;AT3G	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	6.16E-02	1.13	738	16	12	839303	752877	691919	631843	831505	843514	941038	913849	917186	839958	797686	773931
AT3G12020.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.17E-02	1.79	116	3	3	20034	25616	17876	17425	14092	17013	21088	17045	22180	26518	56767	56526
AT5G66670.1	Protein of unknown function (DUF677)	6.19E-02	2.20	25	1	1	16174	8733	8458	8729	10989	10245	8038	9177	23634	19247	44683	34524
AT5G59710.1	VIP2, ATVIP2 - VIRE2 interacting protein 2	6.19E-02	1.20	88	1	1	17582	17265	19025	15443	23892	17760	13999	17276	17480	17831	12567	13192
AT4G38710.1;AT4G38710.2	glycine-rich protein	6.22E-02	1.57	81	3	3	73775	68260	49983	50628	37394	66100	18001	14398	20585	22213	72748	72195
AT5G57460.1	unknown protein	6.23E-02	1.40	51	1	1	11916	23414	14765	19483	15634	16669	14941	16100	14196	12133	8946	6586
AT4G01010.1	ATCNGC13, CNGC13 - cyclic nucleotide-gated channel 13	6.26E-02	3.53	21	1	1	1248	6289	2144	393	1873	4160	378	841	3048	0	298	0

AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.26E-02	1.17	392	8	8	518044	473982	650988	583269	493470	464653	528454	487668	465583	457487	361605	410666
AT5G20830.1	SUS1, ASUS1, atsus1 - sucrose synthase 1	6.26E-02	1.99	65	2	2	10911	12201	3381	2992	8397	9734	4511	4258	2806	2464	4954	4933
AT5G22510.1	INV-E, At-A/N-InvE - alkaline/neutral invertase	6.26E-02	1.21	947	21	20	1578184	1738756	975132	1104049	1545040	1610864	1630608	1657264	1714597	1787923	1915089	1623316
AT5G65270.1	AtRABA4a, RABA4a - RAB GTPase homolog A4A	6.28E-02	1.29	263	5	4	145226	141535	109989	116462	137107	128452	130758	134412	84801	109153	57129	86757
AT5G20610.1	unknown protein	6.30E-02	2.08	32	1	1	29743	15186	16782	28630	18104	26305	26566	20230	33836	27818	100385	70882
AT5G10450.1	GRF6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	6.33E-02	1.13	1269	18	6	1068712	997030	877754	891178	862216	805617	1078630	982004	1047894	1018326	1225116	890933
AT4G17090.1	CT-BMY, BAM3, BMY8 - chloroplast beta-amylase	6.36E-02	1.19	727	14	13	647387	643380	749954	731140	780585	765006	784129	763123	756179	735700	1117469	962000
AT4G32180.2;AT4G32180.1	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	6.40E-02	1.12	303	8	8	196970	211991	166368	199184	188603	223603	174445	202648	175575	179768	164390	167238
AT1G16880.1;AT1G16880.2	uridylyltransferase-related	6.42E-02	1.17	301	4	4	311983	277245	407584	393140	334128	304735	384202	410229	350998	363090	480527	381014
AT2G38360.1	PRA1.B4 - prenylated RAB acceptor 1.B4	6.43E-02	1.75	45	1	1	8127	10115	5423	6367	7577	8953	5673	5926	3584	9574	738	1165
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	6.45E-02	1.14	759	16	15	613870	590068	460669	455253	497970	509680	523192	559032	631392	547057	652237	663074
AT3G02200.2;AT3G02200.1	Proteasome component (PCI) domain protein	6.46E-02	1.56	186	4	2	33037	33709	17753	18960	30708	40428	30410	27993	34627	48585	64352	65794
AT2G36160.1	Ribosomal protein S11 family protein	6.46E-02	1.18	163	3	1	26384	24367	31009	34483	34231	29362	28840	39966	34342	31258	38990	38028
AT1G60170.1	emb1220 - pre-mRNA processing ribonucleoprotein binding region-containing protein	6.48E-02	1.13	25	1	1	186966	170870	201131	233927	185746	186320	179077	181796	164249	152391	195724	156980
AT4G01970.1	WTF1, AtWTF1 - Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family protein	6.49E-02	2.71	31	1	1	3592	4255	2980	2799	2662	2479	3765	2284	3992	6684	18347	15708
AT2G26800.1;AT2G26800.3	Aldolase superfamily protein	6.51E-02	1.22	21	1	1	9634	7797	13470	11894	11422	12837	16846	14947	12393	12369	11928	13245
AT4G28270.1	ATRMA2, RMA2 - RING membrane-anchor 2	6.51E-02	1.35	22	1	1	86502	64777	79642	85353	75046	56441	81701	75025	88683	81032	142093	135552
AT3G61110.1;AT2G45710.1;AT3G61111.1	ARS27A, RS27A - ribosomal protein S27	6.51E-02	1.31	193	3	1	50280	35393	45069	74684	50231	48640	36707	32697	31553	38140	55215	37512
AT5G02500.1;AT1G16030.1;AT5G02500.2	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	6.52E-02	1.25	2353	39	12	939984	825788	1237968	1223333	1074746	984377	1073609	955391	877383	878271	627887	614137
AT1G69830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	6.54E-02	1.14	1548	30	30	2289354	2358811	2226089	2312315	2211165	2411275	2406386	2376093	1997739	2002363	1723664	1590327
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	6.56E-02	1.18	1355	27	7	745696	802036	560595	572114	750859	776255	781140	744750	781233	781434	1033916	834105
AT5G20280.1;AT5G11110.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	6.57E-02	1.46	390	8	7	220395	216858	162598	179014	197992	199896	201387	216583	212499	222542	432087	430317
AT3G47700.1	MAG2 - RINT-1 / TIP-1 family	6.58E-02	1.39	41	1	1	21919	24635	29295	32145	21240	26305	27391	19800	24531	19863	9783	10377
AT4G21660.2;AT4G21660.1	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	6.58E-02	1.61	670	14	13	1211798	1060375	1075171	1059836	1194652	1118942	1026117	1079016	1495613	1477775	2998051	2745852
AT1G19670.1	ATCLH1, CORI1, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	6.58E-02	1.08	528	9	9	2899013	2741251	2550882	2957398	2893311	2773719	2822387	2934425	3233853	3397093	2979309	2832539
AT1G65880.1	BZO1 - benzoyloxyglucosinolate 1	6.60E-02	1.89	21	1	1	112568	36367	87046	71245	53536	37989	64377	51573	33005	41317	10246	10248
AT5G01750.2;AT5G01750.1	Protein of unknown function (DUF567)	6.60E-02	1.15	144	4	4	148345	121404	171204	148872	157975	147862	166161	167676	161251	150905	216459	170474
AT3G18760.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	6.65E-02	1.64	131	1	1	83760	60319	71285	52980	91716	64385	78006	66353	83775	93498	168370	206276
AT5G44910.1	Toll-Interleukin-Resistance (TIR) domain family protein	6.66E-02	1.95	29	1	1	1571228	1612100	2153207	2507100	1113506	1231987	1569757	1457422	960933	1025409	117354	106992
AT5G59150.1	ATRABA2D, ATRAB-A2D, RABA2D - RAB GTPase homolog A2D	6.66E-02	1.52	223	6	1	9218	7229	5522	6402	6386	5429	4708	5941	2944	6912	1362	4555
AT3G62030.2;AT3G62030.1	ROC4 - rotamase CYP 4	6.67E-02	1.14	349	7	7	504097	542768	605034	692189	546583	612194	637525	652195	615577	583250	792725	722290
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	6.67E-02	1.27	590	12	5	175336	153930	263529	259140	231326	210831	237067	213556	231649	319035	320952	320193
AT3G01180.1	AtSS2, SS2 - starch synthase 2	6.74E-02	1.08	194	6	6	437789	412395	401607	408507	442453	435016	504228	504368	442112	439550	456368	406045
AT3G62270.1	HCO3- transporter family	6.75E-02	1.56	22	1	1	16809	15427	8544	8706	12643	12300	16043	12463	15555	14000	21181	36640
AT3G01980.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.75E-02	1.95	31	1	1	1959	3806	5705	5866	3493	4140	3220	3759	1977	3119	398	314
AT4G39040.1	RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain protein	6.77E-02	1.70	67	1	1	30049	31093	23461	30867	28141	33493	25715	24723	53370	44037	68923	84862
AT4G24280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	6.79E-02	1.24	734	18	7	124883	95867	170348	144445	88619	86302	164411	130169	135933	143965	152301	154712
AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	6.80E-02	1.75	510	10	10	528363	555976	494695	538668	618439	661426	590311	548893	714455	686691	1721125	1680216
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	6.81E-02	1.37	193	3	2	27809	24980	35935	37486	27832	30984	32151	35202	30128	38052	64491	53398
AT5G57190.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	6.82E-02	1.28	45	1	1	17527	17642	11383	14020	16249	14673	22277	22639	16967	17766	24353	13209
AT1G25390.1	Protein kinase superfamily protein	6.84E-02	1.31	27	1	1	35239	41699	30092	40141	44523	52852	53316	54303	41140	37783	73269	60315
AT3G11510.1;AT3G52580.1	Ribosomal protein S11 family protein	6.86E-02	1.61	198	3	1	38044	33449	51167	44641	55695	48796	44826	38949	127975	58000	89413	77670
AT3G60820.2;AT3G60820.1	PBF1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	6.88E-02	1.36	204	5	5	102191	83529	162319	170299	112591	123318	111558	109412	93551	103763	68477	69269
AT5G27030.1	TPR3 - TOPLESS-related 3	6.88E-02	1.38	356	9	3	69999	66906	43427	71331	88786	89062	82498	64425	92568	90992	135805	127249
AT4G12830.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	6.90E-02	1.15	74	2	2	60134	57843	45749	56182	62766	60592	53313	48238	54658	56928	41114	43121
AT3G17850.1	Protein kinase superfamily protein	6.91E-02	2.50	77	2	2	13102	11405	4955	9605	7962	13421	11903	6645	18355	17191	46108	50863
AT2G26780.1	ARM repeat superfamily protein	6.92E-02	1.36	33	1	1	21799	16525	11605	14059	19619	19255	14219	15173	14209	15031	7166	9745
AT4G35300.1;AT4G35300.2	TMT2 - tonoplast monosaccharide transporter2	6.92E-02	1.97	89	3	2	165321	157458	83370	91951	106788	121598	117784	134846	154794	149936	445303	425153
AT4G16360.1;AT4G16360.2	5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	6.93E-02	1.28	59	2	2	69327	61606	60819	55957	58612	57522	70311	52557	67364	73533	108706	92573
AT1G70410.2;AT1G23730.1;AT1G70410.1	ATBCA4, BCA4 - beta carbonic anhydrase 4	6.93E-02	1.16	501	11	11	778332	767978	626386	688398	823333	874978	880606	938268	758923	744006	1037282	930625
AT3G59690.1	IQD13 - IQ-domain 13	6.99E-02	1.81	25	1	1	1083703	1204694	1140972	1408185	1312954	1288270	1021173	1150912	824654	943191	88065	89446
AT1G08250.1	ADT6 - arogenate dehydratase 6	7.07E-02	1.30	328	5	2	199431	276099	199302	268679	247185	290977	240425	252617	205529	189956	127719	126036
AT2G35840.1;AT1G51420.1	Sucrose-6F-phosphate phosphohydrolase family protein	7.09E-02	1.76	99	3	2	18988	20736	15558	12427	20142	18324	16305	12984	12614	10338	1258	6851
AT5G58140.4;AT5G58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	7.10E-02	1.24	818	15	10	404694	398767	429729	400109	379694	395319	428644	387434	459518	411876	651287	647046
AT2G38280.1	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	7.12E-02	2.36	212	5	5	153276	182382	99670	107460	135656	144212	157279	161562	145057	167530	678062	630252
AT1G79730.1	ELF7 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	7.12E-02	3.48	33	1	1	839	1531	1486	954	889	1548	1109	1280	1817	1834	6851	12306
AT3G61600.1;AT2G46260.1	ATPOB1, POB1 - POZ/BTB containin G-protein 1	7.13E-02	1.69	163	4	4	195836	201681	144667	164243	138123	163562	169341	164213	207808	208932	475975	474844
AT3G12110.1	ACT11 - actin-11	7.14E-02	1.20	2052	38	3	378856	374027	323446	387691	393354	475496	406207	483117	400017	388104	591143	521982
AT2G41840.1;AT1G58380.1	Ribosomal protein S5 family protein	7.16E-02	1.72	81	2	1	9209	15283	19163	15709	18292	26442	13278	21479	10567	9670	2824	2768
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	7.17E-02	1.29	69	2	2	22661	39608	33487	44821	31299	36935	42152	41523	47941	62721	38754	35285
AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	7.18E-02	1.27	245	6	6	499729	395252	595467	619903	580545	631687	527766	589856	688435	645806	956321	801574
AT1G21323.1	unknown protein; Has 1 Blast hits to 1 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	7.22E-02	1.91	22	1	1	77339	203917	112329	166269	84966	88542	55544	88680	92408	121271	18099	8570
AT3G58110.1	unknown protein	7.22E-02	1.80	436	12	12	327659	309416	266803	261234	285414	271918	272727	258932	409800	376971	866811	914012
AT2G15360.1	unknown protein	7.22E-02	1.57	36	1	1	9292	7172	7027	10029	8790	9594	9871	10567	7097	2282	1779	1548
AT3G26370.1	O-fucosyltransferase family protein	7.23E-02	1.78	22	1	1	13780	12191	15962	13187	8280	7891	11667	6775	9043	10064	1305	1279
AT1G67700.3;AT1G67700.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; EXP	7.31E-02	1.29	263	4	4	229271	230060	352084	389752	281821	306380	250501	255299	275662	260405	186930	159772
AT1G67350.1	unknown protein; Has 2 Blast hits to 2 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	7.32E-02	1.19	36	1	1	4774	4742	5840	4563	6065	5608	4099	5441	4351	4512	3158	4957
AT3G04980.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	7.32E-02	1.53	30	1	1	122424	137209	142083	151757	93667	96821	113422	118147	95922	91513	42287	24007
AT1G07020.1	unknown protein; Has 39 Blast hits to 39 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 6; Fungi - 3; I	7.33E-02	1.48	34	1	1	15113	10910	9870	7673	8884	7825	3222	4812	4480	4113	11585	12400
AT4G21820.1	binding;calmodulin binding	7.34E-02	2.06	27	1	1	283014	253205	200475	136570	160238	108274	128134	147120	145039	118201	6388	9293
AT4G14510.1	ATCFM3B, CFM3B - CRM family member 3B	7.35E-02	2.40	35	1	1	12878	9779	7453	5222	8784	8026	7620	11017	10671	12463	28710	54502
AT1G49980.1	DNA/RNA polymerases superfamily protein	7.35E-02	1.84	69	3	1	64350	53856	53883	44852	63919	63420	56084	54813	31884	38017	4119	2471
AT3G23900.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	7.38E-02	3.10	149	3	2	80161	96622	43981	54476	71634	67860	69914	57769	100791	116189	499831	439355
AT2G44200.1	CBF1-interacting co-repressor CIR, N-terminal;Pre-mRNA splicing factor	7.39E-02	1.43	95	2	2	13731	17843	10716	11007	11577	12264	14728	18248	11542	13672	22889	29337
AT3G13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	7.40E-02	1.15	646	12	11	517545	555377	614807	713528	579536	634757	606813	606180	499721	509641	491828	427924
AT3G47390.2;AT3G47390.1	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	7.42E-02	1.23	380	9	9	373905	358847	248598	230090	331457	363255	383450	376828	325063	328622	468233	470433
AT5G28740.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.44E-02	1.71	119	3	3	235108	196617	153842	168443	205768	195425	176008	203691	253906	228678	584616	523208
AT2G40765.1	unknown protein	7.51E-02	1.28	28	1	1	42671	38988	65775	55883	55621	52399	56149	48047	36330	41054	27288	34121
AT4G30860.1	ASHR3, SDG4 - SET domain group 4	7.52E-02	1.19	27	1	1	36633	26815	41640	32949	39501	31300	53165	38933	39435	34868	42375	39471
AT2G40400.1	Protein of unknown function (DUF399 and DUF3411)	7.57E-02	1.15	27	1	1	443138	479174	416440	485940	382525	452358	413990	490097	529790	496664	641385	491108
AT3G30180.1	CYP85A2, BR6OX2 - brassinosteroid-6-oxidase 2	7.63E-02	4.27	21	1	1	23549	15665	12824	14038	17103	23010	16274	17583	23479	32032	208079	155884
AT5G23880.1	EMB1265, CPSF100, ESP5, ATCPSF100 - cleavage and polyadenylation specificity factor 100	7.63E-02	1.16	163	5	5	80797	76250	93547	87381	95425	96522	82509	82137	85371	85033	62780	58691
AT1G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	7.64E-02	1.73	64	2	1	6791	7164	13222	13596	6649	6685	9275	9053	4412	5838	1300	1464
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	7.66E-02	1.12	796	19	19	1583301	1533879	1193842	1224573	1514508	1526373	1680336	1681946	1673826	1621405	1552547	1394356
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	7.67E-02	1.31	141	3	2	49095	46644	79500	82187	54093	52072	46434	50799	55691	51051	41858	30785
AT4G02620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	7.72E-02	1.31	798	12	12	1140146	862414	1375539	1006924	1112259	1002322	1289297	936364	939324	731293	494639	564156
AT2G24120.1	PDE319, SCA3 - DNA/RNA polymerases superfamily protein	7.73E-02	1.75	53	2	1	8481	12565	12633	8032	11040	14049	12876	9636	19319	11081	29737	34215
AT1G21720.1	PBC1 - proteasome beta subunit C1	7.74E-02	1.41	296	4	1	44558	44785	44615	65522	66696	48361	44027	60852	37072	42406	16719	21570
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	7.76E-02	1.93	101	2	2	303242	345656	193375	198147	207848	226481	237556	224282	324374	346069	898623	822628
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	7.77E-02	1.48	1576	28	28	6963549	6999757	5586606	5993633	5991901	6107882	5898400	5915445	7915485	7777489	14877735	13258572
AT5G18600.1	PCB2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.77E-02	1.11	71	3	3	178414	150883	130590	135657	163903	144015	160201	173901	160027	175480	179572	152737
AT5G42870.1;AT5G42870.2	ATPAH2, PAH2 - phosphatidic acid phosphohydrolase 2	7.78E-02	1.66	164	5	5	26173	14246	21885	22333	24063	23450	24244	24271	25509	23030	64795	57750
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	7.79E-02	1.52	231	4	1	35545	40866	26220	28147	31062	30949	32507	30228	36618	43515	85511	65066
AT1G63650.1	EGL3, EGL1, ATMYC-2 - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	7.80E-02	14.47	28	1	1	614	821	362	1324	263	855	420	407	25679	29799	3184	1847
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	7.81E-02	1.33	111	3	3	21205	20348	40349	33296	22530	26019	24671	24738	19182	17721	21385	15802

AT4G02580.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 24 kDa subunit, putative	7.83E-02	1.53	71	1	1	7591	13451	18408	20692	16593	17610	18648	16256	17729	19602	39520	32155
AT3G43300.1;AT3G43300.2	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	7.85E-02	1.19	1333	27	26	875658	871542	549160	536293	856430	842948	859104	837759	919125	901532	960363	914757
AT4G09900.1	ATMES12, MES12 - methyl esterase 12	7.87E-02	1.79	45	2	1	2876	7395	8908	10891	3098	5235	3290	2862	2472	4021	3957	4901
AT3G25150.1;AT3G25150.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	7.91E-02	1.46	70	2	2	117767	133466	134293	148894	133395	140115	132347	131737	162763	152289	299754	300547
AT4G15040.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	7.91E-02	1.56	25	1	1	8145	9267	10637	16337	8723	12745	8994	14606	2555	10373	2769	2880
AT5G37910.1	Protein with RING/U-box and TRAF-like domains	7.91E-02	1.62	21	1	1	57130	72966	74726	80947	59261	69223	64877	84690	44679	41644	12368	6885
AT1G21730.1;AT2G21380.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.92E-02	1.65	57	2	1	4395	8410	12839	17599	7300	11824	5403	6519	7996	7560	5687	4702
AT2G45960.1	PIP1B, TMP-A, ATHH2, PIP1;2 - plasma membrane intrinsic protein 1B	7.92E-02	1.31	161	2	1	535717	506101	257303	302527	434435	447323	662181	643271	572760	534921	435718	400828
AT3G50670.1;AT3G50670.2	U1-70K, U1SNRNP - U1 small nuclear ribonucleoprotein-70K	7.94E-02	1.53	220	5	5	214244	150654	216475	150140	179694	187955	195072	174835	218527	209426	451813	436693
AT4G33700.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	7.98E-02	1.70	48	2	2	167016	164370	197202	138739	278754	231573	198955	222865	123591	103214	24410	17786
AT1G51510.1	Y14 - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	8.00E-02	1.60	31	1	1	21877	13718	15149	10994	21960	20523	25346	13264	25732	19208	37227	46058
AT5G27610.1	ATALY1, ALY1 - DIRP ;Myb-like DNA-binding domain	8.01E-02	3.91	20	1	1	10858	10464	2026	5633	9988	10631	8742	8283	12229	11828	107093	45938
AT5G08450.1	unknown protein	8.03E-02	2.12	30	1	1	9047	4330	10333	11289	9977	12831	10574	6324	17976	16956	27396	43207
AT4G13200.1	unknown protein	8.03E-02	1.65	476	8	8	333185	290144	289627	267106	280132	268985	262440	282074	362427	367213	846038	731684
AT2G17310.1	SON1 - F-box and associated interaction domains-containing protein	8.03E-02	1.60	30	1	1	76227	98929	71959	80409	72698	88532	75198	95551	98212	87467	192386	234471
AT4G15802.1	HSBP, AtHSBP - heat shock factor binding protein	8.06E-02	1.93	358	7	7	1326353	1383803	1087829	1146527	1124767	1121987	1126926	1153622	1540023	1559332	4375293	4132306
AT5G56160.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	8.06E-02	1.32	23	1	1	128183	122964	101452	97131	109610	130611	59488	56276	66334	66063	153337	122201
AT1G09730.1	Cysteine proteinases superfamily protein	8.11E-02	2.27	93	1	1	18392	21133	19366	21663	20229	21590	22189	22165	26566	21037	109408	76928
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	8.12E-02	1.51	197	4	3	89050	72416	65045	80940	87521	94493	77915	80378	105286	92699	199423	183042
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	8.14E-02	1.65	320	4	4	451269	444133	329592	359759	305084	324585	354651	353665	477480	456262	1141098	862899
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	8.16E-02	1.73	416	12	11	291072	312479	239900	257772	264796	212781	264340	254824	315744	320980	764110	815593
AT4G28030.2;AT4G28030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	8.17E-02	1.11	88	2	2	135302	123857	141035	166334	147458	149687	161340	176972	161294	166675	156362	135929
AT2G39010.1	PIP2E, PIP2;6 - plasma membrane intrinsic protein 2E	8.18E-02	1.52	135	3	1	33849	30795	13113	6276	31429	32568	48228	39058	29660	36412	33311	38044
AT4G29010.1;AT3G06860.1	AIM1 - Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	8.22E-02	1.40	64	2	2	17789	19470	26209	38305	30968	30476	21345	24595	23581	21976	12689	12628
AT3G57830.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	8.23E-02	1.15	44	2	2	7959793	8150380	11314453	12824314	8633575	9349823	11007145	11783205	10982533	10789398	11629675	10747542
AT1G06210.1	ENTH/VHS/GAT family protein	8.26E-02	8.29	21	1	1	899	1452	490	281	1759	820	1042	930	1219	1312	21173	21608
AT1G12920.1	ERF1-2 - eukaryotic release factor 1-2	8.27E-02	1.50	45	2	2	172056	99512	235076	157694	147413	128386	176343	122177	121377	109402	53173	44101
AT2G18740.2	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	8.28E-02	1.25	30	1	1	61464	60519	76940	65407	72106	79906	72712	64702	62143	59322	39035	34337
AT4G22010.1;AT1G41830.1;AT4G28090.1	sks4 - SKU5 similar 4	8.28E-02	1.22	139	4	4	191218	169729	127579	144613	186884	207665	238346	247409	218004	208438	186739	154161
AT1G50670.1	OTU-like cysteine protease family protein	8.30E-02	1.74	24	1	1	13269	16310	13869	16717	11738	10512	12078	10051	10246	11247	786	2899
ATCG00810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	8.31E-02	1.15	306	7	6	380828	361539	438349	343796	409061	420244	382192	416262	314049	355049	268504	315853
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	8.33E-02	1.20	95	2	2	38220	47811	51276	56735	41374	38376	44931	44565	35765	37413	36765	29144
AT5G23870.2	Pectinacetylesterase family protein	8.34E-02	1.38	30	1	1	126725	98130	41215	61065	108860	96910	99477	102306	107524	113783	156525	153911
AT5G20990.1	B73, SIR4, CNX, CHL6, CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molybdenum cofactor biosynthesis enz	8.37E-02	1.39	74	2	2	14259	16407	17512	23956	12838	12736	13922	11335	14904	13609	5196	11271
AT1G06410.1;AT1G68020.1	ATTPS7, TPS7, ATTPSA - trehalose-phosphatase/synthase 7	8.38E-02	1.21	496	12	10	192139	211883	113431	122991	173623	171940	187959	209920	186845	186938	231671	185473
AT3G06670.1	binding	8.40E-02	2.18	285	6	6	183798	165254	77866	69213	117533	122979	110449	105125	180458	192683	508697	506224
AT4G14070.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	8.43E-02	1.27	134	3	2	25080	46434	24742	32753	41023	54148	51142	50601	41063	44715	55382	40925
AT3G06730.1	TRX P, TRX z - Thioredoxin z	8.44E-02	1.27	136	4	4	72281	60665	70797	74270	90918	89225	84993	79272	90318	76805	145499	103365
AT5G10240.1	ASN3 - asparagine synthetase 3	8.46E-02	1.38	496	12	12	105164	137096	117996	151306	110138	117924	122783	127511	96103	100735	37747	52319
AT3G48750.1;AT1G11410.1	CDKA;1, CDC2AAT, CDK2, CDC2, CDC2A, CDKA1 - cell division control 2	8.47E-02	1.23	129	5	4	95591	110427	113002	117786	121374	110443	108697	107955	102826	103504	57733	63170
AT2G33240.1	XI0, ATXI0 - myosin XI D	8.50E-02	1.69	22	1	1	83452	71411	69945	67353	57282	66301	62107	62141	55927	53756	5780	6048
AT3G02540.1	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	8.52E-02	1.69	106	2	1	22965	25604	34454	57523	35222	38542	40413	35197	35575	49814	108823	91575
AT5G33320.1	CUE1, PPT, ARAPPT - Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	8.52E-02	1.50	24	1	1	7666	6742	2367	2931	5916	7137	6485	7408	6005	6649	9139	13577
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	8.53E-02	1.43	107	2	1	16428	19903	27394	41821	21349	19519	12844	26190	14142	20105	16508	12727
AT2G36330.1	Uncharacterised protein family (UPF0497)	8.56E-02	1.64	21	1	1	82515	60991	145456	122274	113246	88796	103285	85451	82317	67275	19901	16662
AT3G11910.1	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	8.59E-02	1.26	1389	30	9	608376	637370	804872	901135	677125	643528	700413	709964	617335	598854	380604	376067
AT3G61820.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	8.60E-02	1.40	32	1	1	4548	5696	8956	6224	6146	4551	7361	4013	3931	4436	2003	4072
AT2G37270.1	ATRPS5B, RPS5B - ribosomal protein 5B	8.60E-02	1.21	495	7	3	132474	101315	162058	125605	157546	141858	138560	131074	112667	113851	93608	87355
AT5G52640.1	HSP81-1, ATHS83, HSP81.1, HSP83, ATHSP90.1, AtHsp90-1, HSP90.1 - heat shock protein 90.1	8.63E-02	2.37	532	11	1	31676	29222	14361	12542	29582	26514	22172	19760	35220	39334	130906	93616
AT5G27540.1	MIRO1, emb2473 - MIRO-related GTP-ase 1	8.67E-02	1.58	37	1	1	17928	16286	13729	10089	14302	17675	18533	19343	17737	13033	48074	25857
AT4G36630.1	EMB2754 - Vacuolar sorting protein 39	8.69E-02	1.46	71	2	2	36917	33239	18159	23146	37397	30160	37586	36392	30809	28351	65674	62893
AT5G57110.1	ACA8, AT-ACA8 - autoinhibited Ca2+ -ATPase, isoform 8	8.75E-02	2.82	103	2	2	18924	19227	4286	10311	15469	14530	11468	12430	22495	21816	73860	91355
AT5G03040.1	iqd2 - IQ-domain 2	8.76E-02	2.52	25	1	1	11090	15788	7849	2930	9935	5558	11278	9356	6419	20122	56665	30272
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.77E-02	1.53	1264	19	19	13115095	12968016	8967146	9142001	10872218	10932228	10610086	10600354	13069689	13407423	27253822	25728369
AT3G19010.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	8.81E-02	1.77	56	1	1	8916	14132	11140	8475	8640	14549	592	651	0	527	21360	13979
AT3G05910.1;AT3G05910.2	Pectinacetylesterase family protein	8.86E-02	1.17	252	6	4	93253	91830	118410	107045	107418	131537	106995	103482	100618	91514	78221	74516
AT4G01370.1;AT1G01560.1;AT1G01560.2;AT2G	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	8.87E-02	1.09	487	11	10	1079902	995768	1015562	1090580	1086655	1066434	1077924	1059770	932425	984766	974815	807257
AT5G65670.2	IAA9 - indole-3-acetic acid inducible 9	8.90E-02	2.85	22	1	1	2623	5049	966	1614	1977	3437	1270	2025	1008	1202	0	0
AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	8.94E-02	2.04	1132	20	18	1230092	1518570	921969	1044420	1166553	1309618	1075594	1205138	1510034	1548382	4959213	4345007
AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein	8.95E-02	1.47	105	2	2	18811	18218	18146	5434	13209	18644	18259	18116	32497	26861	15841	24355
AT3G61440.1;AT3G61440.2	ATCYSC1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	8.96E-02	1.24	20	1	1	48728	49185	33795	45231	33745	39579	32009	31643	25309	26062	43800	43262
AT5G55660.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	9.01E-02	2.65	27	1	1	2926	1169	1289	1176	2062	1557	1641	1337	2665	2357	8256	10727
AT5G01530.1	LHCB4.1 - light harvesting complex photosystem II	9.02E-02	1.24	88	3	2	17521	26661	11743	17155	18869	15262	24696	22737	17108	20255	25475	22243
AT1G14570.1	UBX domain-containing protein	9.03E-02	1.32	40	1	1	43005	46680	53293	61098	50144	52991	53695	47286	54321	63562	100585	84610
AT1G05380.1	Acyl-CoA N-acyltransferase with RING/FYVE/PHD-type zinc finger protein	9.03E-02	3.73	25	1	1	87887	84335	46422	60425	78541	72941	57277	79478	102909	99467	704026	562158
AT5G61020.1	ECT3 - evolutionarily conserved C-terminal region 3	9.06E-02	1.45	73	2	1	21356	31495	47906	58377	39219	36432	35546	34904	30467	26493	16293	17724
AT2G25080.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	9.08E-02	1.16	127	3	3	87647	88706	108994	118357	105280	107778	121233	130515	122940	143339	100260	98094
AT1G63610.2;AT1G63610.1	unknown protein	9.09E-02	1.59	50	1	1	18435	22113	14745	22510	14819	16536	13992	25707	21212	21236	42991	48057
AT4G34660.1	SH3 domain-containing protein	9.13E-02	1.56	21	1	1	4832	5666	7147	6356	4567	2696	3554	3810	5251	3864	1019	2543
AT5G22550.2	Plant protein of unknown function (DUF247)	9.15E-02	2.66	22	1	1	287274	211161	139937	161685	202803	185888	188249	183424	260974	265224	1152239	1106539
AT1G56560.1;AT3G05820.1;AT3G06500.1	Plant neutral invertase family protein	9.15E-02	1.19	298	7	6	240135	258875	180184	146730	249763	241619	274784	262609	288141	275767	258056	212376
AT4G38350.1	Patched family protein	9.20E-02	1.49	111	2	2	26154	32501	9583	9503	21322	25563	43852	39437	21685	21888	32370	26194
AT2G42690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.21E-02	1.22	387	8	7	414881	491318	241177	280028	431568	469322	471873	503675	425382	480109	517894	443493
AT5G39830.1	DEGP8, DEG8 - Trypsin family protein with PDZ domain	9.22E-02	1.17	30	1	1	44803	50217	41881	58330	44979	46175	49610	45704	40777	42382	36490	29285
AT4G18700.1	CIPK12, SnRK3.9, ATWL4, WL4 - CBL-interacting protein kinase 12	9.28E-02	1.41	26	1	1	101495	53064	75827	60288	47167	43279	71908	55493	39624	34909	37597	31531
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	9.30E-02	1.98	24	1	1	6194	7210	12307	9850	2694	5474	3802	7890	3850	5818	279	428
AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protein	9.30E-02	1.14	113	2	1	136134	128980	156731	156767	170102	161250	157396	139992	128350	143255	124794	103657
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	9.32E-02	1.62	55	2	1	22758	26778	23711	24844	18576	15251	19453	15372	24205	17056	3113	2239
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	9.35E-02	1.25	3415	50	50	162176215	154781423	226823603	240044160	188129959	189065565	183355175	177757412	179144558	171801014	111900120	101599953
AT4G20440.1	smB - small nuclear ribonucleoprotein associated protein B	9.36E-02	2.75	119	2	2	64239	72518	34378	32244	75759	77661	52987	55902	74077	91237	374820	333215
AT5G64660.1	ATCMPG2, CMPG2 - CYS, MET, PRO, and GLY protein 2	9.42E-02	1.30	22	1	1	11242	10889	9583	7671	13155	7622	9050	5288	11814	6397	5836	7904
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	9.46E-02	1.13	181	3	2	74110	73009	74310	88310	57741	72170	63179	61675	65075	73124	67836	57188
AT2G17510.1	EMB2763 - ribonuclease II family protein	9.46E-02	1.37	23	1	1	5633	9949	6317	7224	6838	7663	7420	7456	7446	8806	13338	15126
AT2G46820.1	PTAC8, TMP14, PSAP, PSI-P - photosystem I P subunit	9.49E-02	1.34	28	1	1	19175	11736	12613	7155	17842	16139	17510	18456	13121	17804	20354	26342
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	9.50E-02	1.76	1643	28	26	5088455	4882651	3945084	3416925	4477502	4309861	4386522	4195824	5105352	5034682	13736861	13593199
AT1G55040.1	zinc finger (Ran-binding) family protein	9.58E-02	8.52	23	1	1	448	425	219	550	506	0	418	897	412	662	8163	7767
AT2G47330.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.60E-02	1.21	29	1	1	39179	36537	33685	32149	27674	30928	30691	24405	21784	20178	28730	39912
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	9.67E-02	1.14	352	6	6	434667	423676	540935	539314	542473	555969	478161	503848	471945	430154	422667	350803
AT2G33340.1;AT2G33340.3	MAC3B - MOS4-associated complex 3B	9.70E-02	1.19	112	3	2	56050	63833	93086	104709	74814	75645	99702	100367	93318	94704	91262	75931
AT3G12930.1	Lojap-related protein	9.73E-02	1.22	287	5	5	639060	573226	758187	798278	679279	697627	676943	657597	652768	634465	375038	402048
AT5G52650.1;AT4G25740.1;AT4G25740.2	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	9.78E-02	1.14	245	6	6	878791	945180	752291	973593	841963	988327	715149	678518	729371	765316	1009994	836560
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	9.79E-02	1.11	393	6	6	492630	486107	486791	487534	457601	465034	497213	524083	379503	430558	396599	356397
AT2G06025.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	9.81E-02	1.61	27	1	1	169775	173873	451460	455239	238592	223433	253284	266541	168860	179752	106324	86911
AT1G18700.1;AT1G18700.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	9.84E-02	2.70	73	1	1	7151	6544	4582	5146	12516	10233	4688	7212	13550	13759	44734	40654
AT3G11070.1	Outer membrane OMP85 family protein	9.85E-02	2.60	97	3	2	31200	38999	32079	29053	37285	31318	37518	37224	33685	36751	178669	195897

AT4G24620.1	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	9.88E-02	1.21	101	3	3	37674	39540	32818	42090	27190	37574	37889	29235	35778	29419	26260	21008
AT3G20800.1	Cell differentiation, Rcd1-like protein	9.90E-02	1.36	78	1	1	20709	17670	16152	13389	23351	24207	21620	13855	11916	19543	6852	11289
AT1G48630.1	RACK1B_AT - receptor for activated C kinase 1B	9.90E-02	1.35	303	8	2	7901	8616	12530	13219	8210	7205	9855	10050	6812	6352	3917	5650
AT1G76400.1	Ribophorin I	9.93E-02	1.39	78	2	2	23014	21050	15567	16274	22153	21472	23428	20021	16349	13479	6794	6016
AT5G55210.1	unknown protein	9.97E-02	2.03	260	4	4	154574	151482	92777	96918	113201	104783	103057	101647	180168	154882	446523	463479
AT1G31230.1	AK-HSDH I, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase i	9.99E-02	1.32	514	12	8	633866	924818	908873	1448125	854013	892812	844793	982713	722742	703581	494773	542788
AT4G10120.1	ATSPS4F - Sucrose-phosphate synthase family protein	9.99E-02	1.74	133	3	2	72375	63715	28311	32711	56047	42414	46046	47788	65698	58941	149501	145829
AT3G06030.1	ANP3, MAPKKK12, NP3 - NPK1-related protein kinase 3	1.00E-01	1.30	26	1	1	73775	107396	48313	69815	66488	68338	66739	72430	94636	91971	131297	107151
AT5G28850.2;AT1G03960.1;AT1G54450.1;AT5G	Calcium-binding EF-hand family protein	1.00E-01	1.16	744	19	16	1060825	1097700	720122	789119	1059950	1086374	1101607	1090778	1053928	979569	1277533	1222169
AT2G33040.1	ATP3 - gamma subunit of Mt ATP synthase	1.01E-01	1.18	636	8	8	769913	815122	938886	983528	882052	836174	920908	937699	756929	703822	561174	538092
AT1G47550.1;AT1G47560.1	SEC3A - exocyst complex component sec3A	1.01E-01	1.58	81	3	3	23527	25883	7941	9208	28781	23834	29667	20590	24457	22103	59277	32759
AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.01E-01	1.24	730	14	11	790471	789496	670038	655590	815457	813048	785699	721017	707235	672665	377123	403275
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	1.01E-01	1.23	419	7	5	217524	181039	325015	313499	265904	245321	251946	256251	327490	314246	406285	346469
AT3G29310.1	calmodulin-binding protein-related	1.02E-01	2.03	53	2	2	6968	4570	3976	3250	5390	6481	4530	4482	6216	7879	17456	21682
AT4G27830.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	1.02E-01	1.27	235	5	4	210112	161185	274200	253945	164812	189665	260315	227106	223912	199161	379672	307663
AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.02E-01	1.11	401	7	7	594055	537951	553297	529634	475963	497133	562568	538825	464795	471448	422123	403650
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	1.02E-01	1.28	3537	51	7	460236	401983	649067	629912	495782	506903	556130	535801	408215	425706	260121	268248
AT3G18130.1	RACK1C_AT - receptor for activated C kinase 1C	1.02E-01	1.40	297	8	2	24469	12212	21136	16281	13160	13351	19691	16702	11595	8766	5996	8892
AT3G55020.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	1.02E-01	1.85	311	7	6	256745	261734	160955	200581	217377	220810	189957	210915	277898	279390	739758	734293
AT4G14680.1	APS3 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	1.02E-01	2.33	81	3	1	6132	1088	1570	59	2286	276	2661	0	1059	1170	0	0
AT5G08590.1	ASK2, SNRK2-1, SNRK2.1, SRK2G - SNF1-related protein kinase 2.1	1.03E-01	2.12	134	2	2	269786	261063	133055	155938	205498	189197	164838	199499	264877	271775	872923	800456
AT2G34680.1	AIR9 - Outer arm dynein light chain 1 protein	1.03E-01	1.09	205	6	5	154890	154754	184995	177803	156864	159528	162515	166014	141659	148556	157030	134412
AT3G60330.1	AHA7, HA7 - H(+)-ATPase 7	1.03E-01	1.21	172	4	1	53921	31885	43300	30591	37140	31517	56647	50866	37801	41805	39641	49517
AT2G46020.1	CHR2, ATBRM, BRM, CHA2 - transcription regulatory protein SNF2, putative	1.03E-01	2.06	43	2	2	10674	7865	10184	5614	7749	8427	8862	4401	15721	19807	22023	33468
AT1G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	1.03E-01	1.41	271	6	6	350552	374823	421202	431664	413358	393266	423695	436148	370447	430094	923053	790702
AT3G50450.1	HR1 - homolog of RPW8 1	1.03E-01	1.67	24	1	1	31713	29206	35267	43130	26626	18459	22427	29470	29360	23278	2097	3487
AT2G14720.1;AT2G14740.1;AT3G52850.1	VSR4, VSR2;1, BP80-2;1, MTV4 - vacuolar sorting receptor 4	1.04E-01	1.17	147	5	5	97555	104198	81832	85421	99575	88975	95629	94642	94512	99646	123938	143081
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	1.04E-01	1.09	2232	34	26	2818794	2810096	2247000	2273882	2626978	2626210	2481607	2425593	2326131	2162221	2280380	2460269
AT2G17360.1;AT2G17360.2;AT5G58420.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	1.04E-01	1.15	123	2	2	84473	84874	106831	114478	93405	89594	89691	84615	61994	76622	96410	87657
AT2G34920.1	EDA18 - RING/U-box superfamily protein	1.04E-01	1.13	25	1	1	239813	227426	169028	191370	166922	184242	217251	258063	204569	196665	234758	225482
AT4G38690.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	1.04E-01	1.50	44	1	1	9011	6287	2453	1939	7142	7724	13760	8582	5856	7271	8627	7668
AT1G04860.1	UBP2, ATUBP2 - ubiquitin-specific protease 2	1.05E-01	2.58	63	2	2	22775	21122	17828	17403	26621	23858	24598	19897	25645	23340	117926	123016
AT5G64300.1	ATGCH, GCH, ATRIBA1, RFD1 - GTP cyclohydrolase II	1.05E-01	1.20	164	5	4	68412	63141	103861	104267	80482	78488	107997	93244	84536	82212	118722	109376
AT1G12230.1;AT1G12230.2	Aldolase superfamily protein	1.05E-01	1.14	575	10	10	370030	360063	420354	435156	424505	416370	556620	517259	479529	452001	391947	375618
AT3G05170.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.05E-01	1.56	24	1	1	136082	113316	202753	130176	111396	157787	139001	144085	117436	102194	16781	25167
AT3G50440.1	ATMES10, MES10 - methyl esterase 10	1.05E-01	1.35	32	1	1	21269	19146	13946	9677	10478	9780	11991	19367	16040	18249	26998	21242
AT3G46830.1;AT1G07410.1;AT1G18200.1	ATRAB11A, ATRABA2C, ATRAB-A2C, RAB-A2C, RABA2c - RAB GTPase homolog A2C	1.05E-01	1.22	279	7	2	92645	87512	68958	75551	104243	97261	91892	77617	85061	73134	51000	52834
AT4G24150.1	AtGRF8, GRF8 - growth-regulating factor 8	1.05E-01	2.18	21	1	1	24496	30222	29644	42717	6833	7769	9088	16125	12438	13101	5601	8771
AT4G28650.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase family protein	1.05E-01	4.61	49	2	1	1759	1152	1130	209	1889	312	1895	694	13308	11270	809	1743
AT3G12080.1	emb2738 - GTP-binding family protein	1.06E-01	1.44	305	6	6	417199	404482	312864	316159	303215	297061	331592	297560	425791	409227	772277	717306
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	1.06E-01	1.10	83	2	2	173407	200660	207936	233230	197256	204942	211540	203779	216730	210151	240096	251007
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	1.06E-01	1.28	167	4	3	81482	78472	126494	125059	103019	109335	105882	97516	84183	92582	54654	51079
AT3G03380.1	DegP7 - DegP protease 7	1.07E-01	1.30	203	3	3	37927	39209	46878	43694	38292	36860	40023	39991	39867	34113	14564	18130
AT2G04090.1	MATE efflux family protein	1.07E-01	1.39	22	1	1	21932	24557	32903	50125	23171	34143	28717	36322	15297	17612	20683	15797
AT2G20900.1;AT2G20900.2	DGK5, ATDGK5 - diacylglycerol kinase 5	1.07E-01	3.31	59	1	1	6105	10188	4358	6352	7487	7780	962	0	1385	3393	3709	3307
AT5G53440.1	unknown protein	1.08E-01	1.83	292	6	6	100831	95453	91018	91446	97608	96455	79605	85268	122898	130232	313837	314333
AT5G57450.1	XRCC3, ATXRCC3 - homolog of X-ray repair cross complementing 3 (XRCC3)	1.08E-01	1.72	27	1	1	193576	208634	245341	288258	135847	166591	192797	208324	145159	156650	11854	7026
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	1.08E-01	1.20	343	7	7	203771	177095	271812	293063	217054	234897	288662	316449	302978	333407	221154	220763
AT1G69670.1;AT1G26830.1	CUL3B, ATCUL3B - cullin 3B	1.09E-01	1.62	48	2	1	1643	2710	2546	3760	1521	2153	2502	1660	1853	1959	619	261
AT1G21760.1	ATFBP7, FBP7 - F-box protein 7	1.09E-01	1.45	26	1	1	3490	3092	1574	2085	3859	3030	2014	3470	5990	4770	4544	4051
AT5G18420.3;AT5G18420.1	unknown protein	1.09E-01	1.66	117	2	1	32790	30923	9595	12620	14447	25687	15477	17164	9882	16009	10445	6950
AT5G18230.2;AT5G18230.1	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	1.09E-01	1.12	88	2	2	105138	106312	125262	121288	116291	95901	88809	91947	85442	100105	120987	109104
AT3G19960.1	ATM1 - myosin 1	1.09E-01	1.39	61	2	2	26571	26843	21672	25103	25052	23581	22801	23534	30060	27505	52384	50098
AT3G61200.1	Thioesterase superfamily protein	1.09E-01	1.18	56	1	1	29347	25370	21516	26270	23936	22417	25866	26838	16981	22775	16011	17655
AT3G01340.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.09E-01	1.29	275	8	6	414670	412002	620671	701909	561640	548313	512608	465579	526605	475289	293353	251625
AT5G38470.1;AT5G38470.2	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	1.09E-01	2.22	210	5	4	48434	37299	56791	49375	43999	42813	43394	46506	54300	53809	205055	215917
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.09E-01	2.27	98	3	2	168806	143810	122180	98352	143501	130966	130256	132508	155276	157043	556315	702855
AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.09E-01	2.06	1125	18	18	2721539	2997850	2126119	2355042	2388368	2525549	2309143	2400455	2966076	3092879	10793434	9609396
AT3G13225.2	WW domain-containing protein	1.10E-01	2.32	25	1	1	2756	3845	1458	2672	2195	1895	1812	2987	3471	2724	10540	12907
AT3G48150.1	APC8, CDC23 - anaphase-promoting complex subunit 8	1.10E-01	1.43	24	1	1	65751	66222	82490	82622	70929	68678	51504	66042	73968	64909	11902	37912
AT1G75630.2	AVA-P4 - vacuolar H+-pumping ATPase 16 kDa proteolipid subunit 4	1.10E-01	1.44	61	2	1	51138	53144	17851	17048	44710	35249	66930	68847	34753	35202	54164	55784
AT2G03270.1	DNA-binding protein, putative	1.10E-01	1.61	48	2	1	92505	102989	51789	57096	44021	70962	59327	79117	76841	88865	186249	185234
AT3G27530.1	GC6, MAG4 - golgin candidate 6	1.10E-01	2.01	478	8	8	679050	732578	497334	622297	572978	576112	532764	518302	802543	856610	2646196	2050539
AT5G41600.1	BTI3, RTNLB4 - VIRB2-interacting protein 3	1.11E-01	1.55	77	2	1	89066	75286	47167	45257	69945	61108	76770	58822	68588	71524	163330	160333
AT1G06400.1	ARA2, ATRABA1A, ATRAB11E, ARA-2 - Ras-related small GTP-binding family protein	1.11E-01	2.66	315	7	2	26225	26398	15227	16343	30476	25664	26474	28731	22955	24035	86360	184037
AT5G03660.1	Family of unknown function (DUF662)	1.11E-01	1.12	74	2	1	140776	147067	156395	178023	151770	159690	135440	146500	111830	131596	176375	130412
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	1.11E-01	1.06	1068	22	20	850536	851655	825016	908482	858146	918401	993245	1010501	904257	903024	917562	821566
ATMG00640.1	ORF25 - hydrogen ion transporting ATP synthases, rotational mechanism;zinc ion binding	1.11E-01	1.24	31	1	1	7444	8128	5760	6710	7582	6018	10136	9165	5622	6907	10288	9545
AT3G22190.1	IQD5 - IQ-domain 5	1.11E-01	1.53	61	2	1	25139	11351	13090	7092	13935	11967	14836	12666	15401	17157	32546	33768
AT5G17380.1	Thiamine pyrophosphate dependent pyruvate decarboxylase family protein	1.12E-01	1.23	28	1	1	24781	52749	25211	32515	23567	30752	31022	40164	34708	46688	41160	38598
AT1G79330.1	AMC6, ATMCP2B, ATMC5, MC5 - metacaspase 5	1.12E-01	1.39	58	2	1	168858	125085	176728	189919	110172	139903	121411	160723	135445	139866	53006	44958
AT5G28500.1;AT5G28500.2	unknown protein	1.12E-01	1.23	1320	23	21	5658600	5235880	5125891	5097939	4928645	4956483	5040432	4710843	5801925	5780964	8491792	8186468
AT1G71500.1	Rieske (2Fe-2S) domain-containing protein	1.12E-01	1.15	185	3	3	62592	56424	62960	65742	78436	83837	84523	93917	71007	68982	70285	80797
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	1.12E-01	1.70	418	7	7	139898	123402	112916	102375	133731	125181	129763	123523	123679	135048	365219	376405
AT2G13810.1	ALD1 - AGD2-like defense response protein 1	1.12E-01	2.30	34	1	1	4136	4274	2962	5195	4406	6522	4782	5847	3821	5298	23173	20451
AT3G49470.1	NACA2 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	1.12E-01	2.24	131	2	2	498570	458682	494789	384126	409619	429012	395794	395716	612456	537950	1734195	2318805
AT4G28070.1	AFG1-like ATPase family protein	1.13E-01	1.29	24	1	1	119130	101098	123064	116420	89283	65188	105170	97797	68231	90935	62742	49410
AT5G02050.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	1.13E-01	1.40	146	5	5	572408	660033	558773	576260	625516	659842	536750	526301	788135	771239	1337492	1147836
AT4G29810.1;AT4G26070.1	ATMKK2, MKK2, MK1 - MAP kinase kinase 2	1.13E-01	1.12	145	3	3	299056	375474	264644	332537	285809	300740	264051	303397	297310	291329	268197	237382
AT2G30870.1;AT2G30860.2	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	1.13E-01	1.28	161	4	3	20269	24520	37266	42526	28086	31111	30026	27444	24047	20242	20080	22180
AT5G47040.1	LON2 - lon protease 2	1.13E-01	1.31	78	2	2	9537	9739	14588	13696	8606	9443	16245	14980	11866	11991	9454	21114
AT4G23630.1	BTI1, RTNLB1 - VIRB2-interacting protein 1	1.14E-01	2.60	213	4	3	2140923	1982759	1270846	1094533	1789286	1912886	1623156	1624072	2008289	1996006	10674363	8606851
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	1.14E-01	1.11	153	2	2	368033	496457	412407	442147	425925	435550	555125	519910	439375	440258	431795	468979
AT5G13310.1	unknown protein	1.14E-01	3.04	35	1	1	9673	4698	6983	8376	10760	7023	5751	6545	14078	10757	55127	52243
AT5G50810.1	TIM8 - translocase inner membrane subunit 8	1.14E-01	1.23	109	1	1	16285	10728	24014	14561	16073	12896	25364	18701	18692	20071	15284	17922
AT4G33030.1	SQD1 - sulfoquinovosyldiacylglycerol 1	1.14E-01	1.81	22	1	1	1978	2530	2375	4018	2108	1484	3833	1993	0	1136	0	1033
AT5G05520.1	Outer membrane OMP85 family protein	1.14E-01	2.44	361	9	7	131413	149494	84922	69192	149089	128531	109145	104806	133741	168721	624914	600002
AT5G17710.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	1.14E-01	1.39	502	9	9	448591	500256	341931	374399	388262	386283	336271	390704	501165	521466	860424	773401
AT2G44620.1	MTACP-1, MTACP1 - mitochondrial acyl carrier protein 1	1.14E-01	1.37	38	1	1	67767	86140	84897	99003	73013	95190	74151	71814	74214	78978	50834	18670
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	1.15E-01	1.21	1273	16	16	4291333	4564354	4999245	4954137	5003160	5089217	4668415	4791769	4609224	4699058	2501912	2548817
AT1G54080.1	UBP1A - oligouridylate-binding protein 1A	1.15E-01	1.21	274	6	1	12964	8945	10847	7438	9958	9601	9323	7422	6281	7363	8167	10923
AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	1.15E-01	1.92	20	1	1	6696	4592	4462	3147	5739	3946	5742	5205	3523	6366	16530	17391
AT5G14240.1	Thioredoxin superfamily protein	1.16E-01	1.90	369	7	7	149501	161031	144156	132208	140476	125558	122768	124892	184718	178662	506335	498978
AT2G17870.1	ATCSP3, CSP3 - cold shock domain protein 3	1.16E-01	1.18	55	2	2	20898	14629	28479	26832	19689	20209	31559	23804	24062	24865	24991	25003
AT3G09690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.16E-01	1.44	27	1	1	1682466	929094	1472178	1514859	1089307	994287	1382190	1254019	1101581	912500	298467	375693

ATCG00710.1	PSBH - photosystem II reaction center protein H	1.16E-01	1.26	28	1	1	62599	51023	74653	53089	68786	69975	70449	53374	82074	66880	98349	109271
AT5G18570.1	EMB269, ATOBGC, CPSAR1 - GTP1/OBG family protein	1.16E-01	1.73	171	4	4	191541	230261	164031	174913	178583	194668	155079	167953	241329	255220	585339	561230
AT4G18010.1	IPSPII, ATSPTASE2, SPTASE2 - myo-inositol polyphosphate 5-phosphatase 2	1.16E-01	1.53	27	1	1	4706	5139	8058	6660	9157	10047	5614	5923	5820	8103	1092	2016
AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.16E-01	1.22	140	3	3	78953	72727	87703	85059	74187	66284	80249	85261	73222	58440	43419	41126
AT4G00930.1	CIP4.1 - COP1-interacting protein 4.1	1.17E-01	63.47	47	2	1	0	0	534	780	0	543	629	1066	55813	59480	0	901
AT5G07740.1	actin binding	1.17E-01	1.68	30	1	1	11373	14896	4123	5684	5447	9684	8954	7092	5704	4675	1726	2324
AT1G42960.1	expressed protein localized to the inner membrane of the chloroplast.	1.17E-01	1.19	54	1	1	61824	54192	69073	39333	74393	64974	82707	78461	71089	74432	57257	67495
AT4G23460.1	Adaptin family protein	1.18E-01	1.29	744	16	4	138602	177656	172053	214909	194037	203784	177267	184605	167375	167659	78725	76148
AT5G54750.1;AT5G54750.2	Transport protein particle (TRAPP) component	1.18E-01	1.18	277	5	5	786772	792805	711340	718564	755034	804018	724535	784696	739955	731107	477432	414295
AT3G54540.1	ATGCN4, GCN4 - general control non-repressible 4	1.18E-01	1.20	68	2	2	17960	16330	12894	14899	16530	21053	16191	16896	16934	20295	23961	25175
AT3G19370.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	1.19E-01	1.83	32	1	1	9080	6355	4408	3943	9828	6896	8547	7089	6577	6543	25742	19614
AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.19E-01	2.00	233	5	4	187889	182177	123020	122661	157461	181082	143389	148896	182059	196794	621487	618390
AT3G54890.1;AT3G54890.2	LHCA1 - photosystem I light harvesting complex gene 1	1.20E-01	1.27	120	3	3	155996	179500	131140	126852	194681	158059	231786	242128	222643	230309	129441	146457
AT3G46960.1	RNA helicase, ATP-dependent, SK12/DOB1 protein	1.20E-01	2.44	85	1	1	5532	8394	2542	4488	6503	7001	8869	4436	5036	7937	38472	19489
ATCG00130.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	1.20E-01	1.18	4645	66	61	346921379	338752894	394621498	423094543	288698731	299816525	358295792	355386502	301902247	292141681	245986653	226458539
AT3G63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	1.20E-01	1.21	283	7	7	152620	184387	125544	153252	193097	182424	186624	221007	147375	166398	261710	217672
AT5G19550.1	ASP2, AAT2 - aspartate aminotransferase 2	1.20E-01	2.08	53	1	1	704	4552	2483	4775	2818	2210	1891	1714	1166	3667	0	0
AT5G22330.1	ATTIP49A, RIN1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.20E-01	1.10	164	3	3	68490	79721	74646	84576	76227	77874	88982	102127	85468	83031	72786	77174
AT3G13060.1	ECT5 - evolutionarily conserved C-terminal region 5	1.20E-01	1.39	23	1	1	10105	10632	22042	17506	19533	15439	15707	13248	9815	13287	5475	10873
AT3G55770.1	GATA type zinc finger transcription factor family protein	1.21E-01	2.11	28	1	1	2603	7181	3717	4431	5488	5483	6903	6103	3212	5422	16417	22910
AT3G51250.1	Senescence/dehydration-associated protein-related	1.21E-01	4.16	33	1	1	305	622	347	754	576	146	745	564	240	562	4371	4949
AT5G47390.1	myb-like transcription factor family protein	1.21E-01	1.68	63	1	1	57630	46586	46938	36855	44181	34659	38884	46854	52080	48566	145195	116027
AT3G04580.1	EIN4 - Signal transduction histidine kinase, hybrid-type, ethylene sensor	1.21E-01	1.72	20	1	1	116013	126352	77167	89011	96777	101940	89529	86336	124554	133324	323980	287723
AT5G58590.1	RANBP1 - RAN binding protein 1	1.21E-01	2.83	49	1	1	23266	20972	7295	6861	11127	11801	8144	17227	17579	16918	90447	79654
ATMG00160.1	COX2 - cytochrome oxidase 2	1.21E-01	1.23	61	1	1	35169	36348	29284	20290	37704	42179	40722	49128	33648	43289	49400	31798
AT5G38410.1;AT5G38410.2;AT5G38410.3	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	1.21E-01	1.11	930	16	4	4404769	4313244	5073676	5268219	4423227	5011373	4289876	4722162	4731998	4653765	3555607	3808741
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	1.22E-01	1.16	1019	15	4	596696	429771	412008	309521	407132	411201	530868	529951	494601	408212	559283	462942
AT5G66680.1	DGL1 - dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48kDa subunit family protein	1.22E-01	1.22	380	6	6	404020	446558	382545	356622	474986	483649	440511	469931	363867	355263	233159	234428
AT1G08680.1;AT1G08680.3	ZIGA4, AGD14 - ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	1.22E-01	1.85	454	9	9	438323	442182	316443	276881	342372	334208	347541	340513	390402	409550	1308415	1181972
AT5G19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.23E-01	3.26	214	4	2	37903	29958	17399	19634	36269	37596	25246	25361	50565	30778	250381	200584
AT3G48800.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	1.23E-01	2.19	126	2	1	18466	12504	3394	6081	8352	12532	6481	11662	14744	13571	36470	51472
AT1G45230.1	Protein of unknown function (DUF3223)	1.23E-01	1.86	100	2	2	93101	109492	74364	67750	81257	92518	68082	75784	116341	115757	299928	286321
AT5G34930.1	arogenate dehydrogenase	1.23E-01	2.71	29	1	1	86693	51954	46349	46042	54064	58235	45842	52926	84329	63880	361937	321592
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	1.23E-01	1.28	2947	47	3	81149	78412	102270	108001	79846	82990	88718	76333	86121	89299	39348	37779
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	1.23E-01	1.09	848	16	16	1395447	1331600	1131745	1156819	1311752	1337232	1514275	1541763	1483769	1348553	1240029	1255141
AT1G55350.5	DEK1 - calpain-type cysteine protease family	1.23E-01	1.54	27	1	1	16345	21427	44834	41431	35233	28680	30545	21029	25608	28283	6741	10127
AT1G09850.1	XBCP3 - xylem bark cysteine peptidase 3	1.23E-01	1.59	96	2	2	46536	43353	19965	22403	50219	52239	43353	51052	34138	43900	82026	119856
AT2G24765.1;AT2G24765.2	ARF3, ARL1, ATARL1 - ADP-ribosylation factor 3	1.23E-01	1.16	109	2	2	50569	42387	54956	42688	52415	52569	38962	45717	45189	51045	45441	29557
AT1G19110.1	inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain-related	1.24E-01	1.30	21	1	1	70265	69557	95913	112748	74686	91731	61039	77289	97441	84174	35872	40808
AT5G46920.1	unknown protein	1.24E-01	2.07	96	2	2	50815	54925	45666	45463	53177	46745	52049	39774	63254	53688	208409	197582
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	1.24E-01	1.10	422	7	7	442490	453974	330295	354423	355440	381877	425702	419523	391283	412519	470671	422960
AT5G13530.1;AT5G13530.2	KEG - protein kinases;ubiquitin-protein ligases	1.24E-01	1.52	107	2	2	17337	30885	16813	21848	32709	28100	30052	19519	29881	27752	68016	48892
AT1G74470.1	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	1.24E-01	1.19	167	3	3	88984	92368	84080	101502	83597	110846	129533	127704	115447	125256	75424	96834
AT4G21150.1	HAP6 - ribophorin II (RPN2) family protein	1.24E-01	1.28	307	6	6	275798	274900	188436	196621	290855	290328	290507	274094	190142	181895	123051	123628
AT2G43750.1;AT3G59760.1	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	1.24E-01	1.20	158	5	3	265410	323113	193425	249123	294150	346338	281460	357748	304857	313152	460054	296150
AT1G79990.1	structural molecules	1.25E-01	2.24	752	17	8	367750	355551	212372	198331	357453	327620	312231	302789	330429	309333	1396829	1430606
AT3G49990.1	unknown protein; Has 1524 Blast hits to 1298 proteins in 225 species: Archae - 9; Bacteria - 84; Metazoa - 474;	1.25E-01	1.98	247	4	4	99390	82087	65982	74554	75834	78275	78006	67195	92467	95262	340701	270233
AT5G49740.1	ATFRO7, FRO7 - ferric reduction oxidase 7	1.25E-01	1.12	25	1	1	38166	50976	36473	54385	49470	49282	51999	56259	51090	47874	48115	58157
AT4G24440.1	transcription initiation factor IIA gamma chain / TFIIA-gamma (TFIIA-S)	1.25E-01	1.45	35	1	1	45292	45847	49633	38559	45443	44230	41687	46017	52175	44551	109799	94715
AT1G78260.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.26E-01	1.41	35	1	1	5499	4149	11805	8082	9590	8163	5637	3997	4489	8416	5544	5534
AT4G28410.1	Tyrosine transaminase family protein	1.26E-01	1.37	26	1	1	5451	6115	13636	9208	8094	6461	3777	5034	6637	6424	5540	8341
AT1G80170.1	Pectin lyase-like superfamily protein	1.26E-01	1.12	25	1	1	264693	287844	264510	289455	272777	267590	306368	297517	225867	223394	221497	201203
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	1.26E-01	1.25	155	3	3	48817	39850	42337	34910	42517	44244	50597	40709	40716	42097	73431	67190
AT5G37475.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	1.27E-01	1.48	130	3	2	91259	112960	50976	64574	60965	66621	72795	61149	84173	107917	160933	176023
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	1.27E-01	1.21	748	13	13	1673439	1546537	2362502	2267692	1676965	1568079	1812296	1749139	1692871	1629918	1145155	1119661
AT1G13730.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	1.27E-01	1.36	104	3	2	75370	55843	100944	90119	86766	85702	83806	77030	70744	78930	25566	27206
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	1.27E-01	1.18	245	6	6	155930	145257	249972	237089	176719	169913	198042	195670	217280	206035	273161	244603
AT1G79570.1;AT1G16270.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	1.27E-01	2.36	178	4	4	34892	45284	26557	27974	32992	31909	25491	26715	47139	47514	165517	158154
AT1G10510.1	emb2004 - RNI-like superfamily protein	1.28E-01	1.39	46	1	1	31510	43556	59924	37259	64895	54166	58341	51585	36310	29506	17660	16217
AT3G14290.1	PAE2 - 20S proteasome alpha subunit E2	1.28E-01	1.23	216	3	1	27232	43325	29683	43175	26447	29824	22082	28031	22790	37940	28366	22587
AT3G20000.1	TOM40 - translocase of the outer mitochondrial membrane 40	1.28E-01	1.40	124	3	3	42130	37916	50904	56518	61222	56584	46493	52568	47847	42778	18176	9862
AT3G02530.1;AT5G16070.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.29E-01	1.12	255	5	5	133913	140756	147511	163191	138550	136838	150222	155728	126855	124136	107423	105750
AT1G61690.1	phosphoinositide binding	1.29E-01	1.35	182	4	3	24662	26562	23199	23822	26140	23780	23837	19477	29438	35737	37308	53583
AT3G47810.1	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	1.29E-01	1.38	145	4	4	105519	94998	93312	111549	116793	128439	126184	102976	99103	118693	224289	228352
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	1.29E-01	1.25	107	2	2	156215	131369	99678	116639	125993	132462	74270	78177	71659	71688	185502	128254
AT4G28190.1	Protein of unknown function (DUF1421)	1.29E-01	1.16	59	2	2	36530	35028	42576	31520	41398	35370	39055	34880	37641	41584	49658	54194
AT2G46900.1	unknown protein	1.29E-01	2.68	84	3	3	11313	12660	6175	5821	10628	11352	9469	9728	10479	9949	53182	62434
AT5G52410.2	unknown protein	1.30E-01	1.24	20	1	1	446967	373181	658352	660431	394070	436348	389858	424592	433536	465420	374941	303247
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	1.30E-01	2.48	293	6	6	120311	122185	82028	92448	131867	118440	95508	94728	131915	148120	567310	618207
AT1G66680.1	AR401 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.30E-01	1.50	100	2	2	123603	119491	87934	98327	105795	110691	118818	92231	122619	110519	248470	275397
AT3G44890.1	RPL9 - ribosomal protein L9	1.31E-01	1.23	57	2	2	42919	45243	60433	58512	32181	35301	33436	36846	41962	36436	39462	35491
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	1.31E-01	1.21	576	13	13	948794	818051	1112585	1047800	985922	854115	989685	962665	888011	893705	510999	518156
AT2G44210.1	Protein of Unknown Function (DUF239)	1.31E-01	3.38	21	1	1	2594	2222	1077	1472	2757	3189	1529	2062	3119	2825	19128	16354
AT1G64790.1;AT1G64790.2	ILA - ILITYHIA	1.32E-01	1.13	899	19	19	474922	406467	310547	312059	432894	419246	405957	403492	482923	432104	471966	458724
AT3G13070.1	CBS domain-containing protein / transporter associated domain-containing protein	1.32E-01	3.62	83	1	1	1780	55	0	1333	543	1046	1788	842	512	4523	8753	822
AT5G13260.1	unknown protein	1.32E-01	1.39	243	4	4	133054	124600	128232	95530	121163	118034	116142	98996	136999	153941	223878	273387
AT5G49910.1	CPHSC70-2EAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat shock protein 70-2	1.32E-01	1.16	797	16	7	356715	423618	443130	484365	327465	327637	405848	395846	412834	437535	514408	569233
AT5G17920.1;AT2G43800.1;AT5G20980.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	1.33E-01	1.18	1295	24	9	758817	783640	949831	1050933	882486	885594	899854	845939	825125	844421	592557	486096
ATMG00830.1	CCB382 - cytochrome C biogenesis 382	1.33E-01	1.77	42	2	1	1608	1848	4777	3927	4940	5283	4848	3635	2246	1951	0	0
AT1G21610.3;AT1G21610.1	wound-responsive family protein	1.33E-01	2.68	24	1	1	2545	1880	1673	2500	3555	3264	2654	2074	2769	3161	13013	17683
AT3G13460.3	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	1.33E-01	1.48	139	4	1	15531	8207	28960	21210	23439	23089	16868	13011	18240	12733	9310	11376
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	1.34E-01	2.98	148	4	3	4124	3745	3281	789	4179	1816	3150	4325	1624	4557	16071	23679
AT3G48860.2;AT3G48860.1	unknown protein	1.34E-01	1.86	111	2	2	17101	17219	8739	9432	10746	12991	7883	13723	15896	19841	42117	42119
AT5G16370.1	AAE5 - acyl activating enzyme 5	1.34E-01	1.19	87	2	2	102336	71102	93907	105622	91605	101011	92514	89026	113276	98537	144357	136903
AT2G43790.1;AT1G07880.1	ATMPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	1.34E-01	1.07	1031	18	17	2799984	2856904	2809944	2797236	2687806	2733834	2880566	2786921	2727669	2666676	2217040	2279563
AT5G03880.1	Thioredoxin family protein	1.34E-01	1.29	41	2	2	89961	94433	51011	72586	85942	89765	78935	100487	84810	77352	134723	148019
AT5G65010.1;AT5G65010.2	ASN2 - asparagine synthetase 2	1.34E-01	1.06	1271	26	16	3470207	3473529	3595793	3630879	3620053	3634980	3616625	3788411	3402454	3297349	3139400	3021840
AT1G05520.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.34E-01	1.11	652	14	11	613416	639751	481491	557455	632532	685369	570336	583481	525266	581852	519307	477244
AT2G21990.1	Protein of unknown function, DUF617	1.35E-01	1.26	23	1	1	24918	24645	19891	23646	34754	31893	27878	27457	23859	20034	14274	13517
AT3G09250.2;AT3G09250.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein	1.35E-01	1.38	43	2	1	368823	221469	445273	377323	249781	258435	423247	418472	185589	152053	103074	110420
AT3G62580.1	CYP71B4 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 4	1.35E-01	1.51	22	1	1	21684	19383	28183	22494	19240	12266	25449	23700	14861	13881	1820	2062
AT2G30860.1	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	1.35E-01	1.14	121	3	2	106310	102545	140051	157694	121192	116922	107481	104917	128664	103523	98921	108562
AT1G78150.3	unknown protein	1.35E-01	1.49	29	1	1	14884	11026	11173	7407	10664	6606	1459	8681	6631	5584	9139	10018
AT3G10420.2;AT3G10420.1	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.35E-01	1.62	337	8	8	164066	164326	131756	135873	169552	156086	153692	150235	169230	152971	491852	375106
AT2G17980.1	ATSLY1 - Sec1/munc18-like (SM) proteins superfamily	1.36E-01	1.14	68	1	1	25263	29258	34531	31590	27108	24062	35331	28333	26675	36072	38827	31303

AT5G09590.1;AT4G32208.1	MTHSC70-2, HSC70-5 - mitochondrial HSO70 2	1.36E-01	1.22	128	5	3	17485	10861	26404	23385	16066	19581	27586	23155	23002	24582	18374	21578
AT5G46940.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	1.36E-01	1.24	27	1	1	65997	76692	97476	139399	92079	136673	132547	140410	117462	151182	86315	127031
AT3G20810.1;AT3G20810.2	JMJD5 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.36E-01	2.27	182	4	4	244445	210292	160315	182263	220094	235781	211837	206680	221160	207493	1058210	939824
AT3G46880.1	unknown protein	1.36E-01	1.96	21	1	1	20785	24794	18023	18885	14819	20394	10831	22037	25298	34079	73440	65196
AT5G11190.1	SHN3 - Integrase-type DNA-binding superfamily protein	1.37E-01	1.57	20	1	1	36767	19855	40306	33598	28949	29919	79422	69402	51701	47958	22119	26895
AT3G18390.1	EMB1865 - CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	1.37E-01	1.87	606	10	9	380932	338189	271624	284797	340770	333564	280477	286785	379909	397863	1198502	1096015
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	1.37E-01	1.28	453	6	6	1185421	1230817	702045	705025	1084889	1103823	1641674	1683724	1255013	1260817	918129	927157
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	1.37E-01	1.11	2379	40	10	5680573	5859269	4450459	5028526	5789845	5778529	5486052	5445564	5764137	6027578	7405761	6056062
AT3G05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	1.37E-01	1.14	536	14	13	336045	360529	408287	432501	342694	351091	382465	387096	349525	324499	265308	246616
AT1G80500.1	SNARE-like superfamily protein	1.37E-01	1.58	63	1	1	24966	30038	5893	14204	29716	35186	24344	32364	24413	24174	56315	59755
AT1G27970.1;AT1G27970.2	NTF2B - nuclear transport factor 2B	1.37E-01	1.15	619	11	11	2336310	2291363	3460731	3323541	2835915	2988354	2656778	2610863	2722167	2603148	2269912	2104712
AT5G18525.1	protein serine/threonine kinases;protein tyrosine kinases;ATP binding;protein kinases	1.38E-01	1.87	21	1	1	120677	143465	125527	146496	106706	146137	101505	113079	171328	173578	450347	464253
AT1G02090.1;AT1G02090.3	FUS5, CSN7, COP15, ATCSN7 - Proteasome component (PCI) domain protein	1.38E-01	1.16	139	4	4	63498	57555	89635	84302	58557	67150	63383	71589	56001	58362	58943	53239
AT4G01950.1	ATGPAT3, GPAT3 - glycerol-3-phosphate acyltransferase 3	1.38E-01	3.16	25	1	1	6232	279	2436	1247	3012	3050	2063	2349	2854	3404	22235	18507
AT4G15730.1	CW-type Zinc Finger	1.38E-01	1.26	27	1	1	118993	91886	132260	150686	93547	125553	96090	91967	140982	112318	52597	73230
AT1G19140.1	unknown protein	1.38E-01	1.11	45	1	1	14939	17559	16068	19778	15536	21179	18172	19314	16940	20045	22412	20020
AT5G12250.1	TUB6 - beta-6 tubulin	1.38E-01	1.07	2646	49	6	2289509	2376827	1977104	2179100	2384651	2514974	2437208	2651152	2369635	2294429	2563123	2332210
AT5G65910.1	BSD domain-containing protein	1.39E-01	1.53	45	2	1	10492	15971	10173	12461	13437	13864	11283	10843	17848	14370	36901	25835
AT1G70750.1	Protein of unknown function, DUF593	1.39E-01	1.63	22	1	1	16029	16879	32263	33515	16974	16329	14712	14721	22672	28778	0	0
AT5G16660.1	unknown protein	1.39E-01	1.17	240	4	4	91335	103167	93667	116340	109482	123090	106261	117334	132508	155117	139812	92850
ATCG00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	1.39E-01	1.26	124	2	2	56727	62397	48973	42469	49729	45491	50198	51270	53800	52159	88946	90179
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	1.39E-01	1.22	1118	12	11	2399841	2741184	3641248	3984539	2950092	3206910	2929610	3090501	2842946	3043947	1909785	1633343
AT5G13030.1	unknown protein	1.40E-01	1.25	308	7	7	105461	103308	152126	162110	107568	117623	125693	131243	106782	101491	76010	56105
AT4G39350.1	CESA2, ATH-A, ATCESA2 - cellulose synthase A2	1.40E-01	1.88	56	1	1	5898	6904	2466	4768	4437	7636	6730	7244	3917	5287	22311	14872
AT2G39220.1	PLP6, PLA IIB - PATATIN-like protein 6	1.40E-01	1.52	23	1	1	34290	38456	19739	26997	22538	22663	30018	31378	19428	22660	1478	3084
AT5G09420.1	ATTOC64-V, MTOM64, TOC64-V, OM64, AtmtOM64 - translocon at the outer membrane of chloroplasts 64-V	1.40E-01	1.57	23	1	1	8906	6971	4226	2620	9610	6851	6121	5540	8469	9184	12847	19229
AT4G33905.1	Peroxisomal membrane 22 kDa (Mpv17/PMP22) family protein	1.40E-01	1.24	22	1	1	6737	5394	9753	6597	6074	5680	6923	5036	5543	7286	3712	3838
AT1G29900.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	1.41E-01	1.32	78	2	2	163252	120673	208147	171250	88655	126731	143788	154480	109573	89089	96408	73702
AT1G60070.1	Adaptor protein complex AP-1, gamma subunit	1.41E-01	1.25	158	4	3	55129	71347	25460	30318	59651	58335	66054	70395	52966	65265	69003	52817
AT2G34070.1	TBL37 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 37	1.41E-01	1.12	31	1	1	135320	137619	139095	154054	135835	132772	140892	144362	136075	127663	105150	90025
AT1G75780.1	TUB1 - tubulin beta-1 chain	1.41E-01	1.35	2178	40	1	24608	28455	20368	25187	35220	27373	27736	33802	20499	32681	52192	51431
AT1G78010.1	tRNA modification GTPase, putative	1.41E-01	1.12	131	4	4	75436	64826	63299	55478	70768	60556	65812	56627	58560	62452	44014	60853
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	1.41E-01	2.06	128	3	3	139291	85785	81760	68219	112116	105767	100219	85460	102590	112802	427023	395015
AT3G09560.1	ATPAH1, PAH1 - Lipin family protein	1.42E-01	1.63	206	2	2	146292	121346	70661	75637	134118	110351	106836	88024	132943	133400	282979	326963
AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	1.42E-01	1.10	269	7	6	161968	181386	162345	181347	174751	175178	162753	151903	143482	122662	192126	168714
AT1G58220.1	Homeodomain-like superfamily protein	1.42E-01	1.50	30	1	1	45443	63392	41751	42422	21356	46405	36668	38974	54954	58732	97358	103427
AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	1.42E-01	1.25	1408	27	9	829600	830219	457540	479300	669854	718351	642203	670462	748586	764393	1121251	1026324
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	1.42E-01	2.12	397	9	9	360481	366759	269688	281063	326826	345253	278423	294203	370787	384896	1335412	1466451
AT5G19370.1	rhodanese-like domain-containing protein / PPIC-type PPIASE domain-containing protein	1.42E-01	1.12	440	8	7	591024	642206	683595	785487	645953	668977	642101	700022	660995	605410	509612	458805
AT2G01690.1	ARM repeat superfamily protein	1.42E-01	1.33	155	4	3	43503	43422	15415	8735	22755	22402	22408	29789	39024	29166	40247	27849
AT3G29400.1	ATEXO70E1, EXO70E1 - exocyst subunit exo70 family protein E1	1.42E-01	1.32	153	2	2	27898	33117	17056	16046	22477	27971	15736	15851	12621	11907	27059	26122
AT5G11490.1	adaptin family protein	1.42E-01	1.07	544	10	10	534781	574957	436044	457786	522802	556626	552142	575972	524000	546064	575358	537960
AT1G15940.1	Tudor/PWWP/MBT superfamily protein	1.42E-01	2.44	20	1	1	17876	21588	17063	16636	21414	18898	12401	15294	28817	28443	108257	83562
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	1.43E-01	2.33	154	4	4	51590	33932	14702	12677	24949	28451	21536	21317	38370	35347	148978	121730
AT3G53110.1	LOS4 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.43E-01	1.96	337	7	6	1337537	1289147	668802	732951	884885	981086	757191	836931	1223884	1335605	3768481	3619608
AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	1.43E-01	1.97	264	5	5	158440	129950	87807	94604	103485	100732	100597	100344	130280	127294	483189	384808
AT3G46400.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.44E-01	1.19	57	2	1	26649	20905	35107	42216	25489	27116	37148	31229	38702	27067	35713	41212
AT5G15870.1	glycosyl hydrolase family 81 protein	1.44E-01	1.28	110	2	2	12898	10743	6900	9940	11142	10591	5028	6622	5879	6204	3713	21244
AT1G61790.1	Oligosaccharyltransferase complex/magnesium transporter family protein	1.44E-01	1.35	40	1	1	10185	6162	6570	10851	10847	7493	6566	6571	7071	11979	3871	2623
AT3G13530.1	MAPKKK7, MAP3KE1 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	1.44E-01	2.48	118	3	3	68748	63251	40380	37212	52219	59943	42704	49424	64186	62870	287515	289856
AT1G17980.1	PAPS1 - poly(A) polymerase 1	1.44E-01	1.66	39	1	1	20799	30444	13744	27158	29634	18089	26699	18598	26225	26052	79874	55411
AT1G20200.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	1.44E-01	1.15	838	15	8	548957	559906	374839	404126	501459	488913	443226	481516	427401	447473	359578	340533
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	1.44E-01	1.19	326	7	7	330371	291700	464747	431748	327554	344335	359471	371945	336235	306200	239742	224521
AT2G25670.1	unknown protein	1.45E-01	2.34	262	4	4	70994	55576	54671	43191	47037	44345	42697	42421	66288	67874	256524	262739
AT5G47840.1	AMK2 - adenosine monophosphate kinase	1.45E-01	1.16	116	2	2	8281	8213	11598	14544	12786	11208	13779	13768	13983	13589	10626	11683
AT1G67140.3	SWEETIE - HEAT repeat-containing protein	1.45E-01	2.70	430	8	8	271632	273659	156521	174312	247777	251095	202447	209236	254997	255634	1360565	1427448
AT5G15710.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1.45E-01	Infinity	23	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18094	22873
AT3G11270.1;AT3G11270.2	MEE34 - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.45E-01	1.53	336	6	1	5750	3842	6939	9618	5030	6260	7432	6672	4275	4784	930	349
AT5G10630.2;AT5G10630.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	1.45E-01	2.28	256	5	4	187595	335173	150169	167632	275773	254979	147597	207359	325635	306840	1023533	1109690
AT4G36220.1	FAH1, CYP84A1 - ferulic acid 5-hydroxylase 1	1.46E-01	1.29	53	1	1	8945	10025	8209	11298	14292	13707	13196	10456	8522	9387	5329	4679
AT4G27260.1	GH3.5, WES1 - Auxin-responsive GH3 family protein	1.46E-01	1.61	31	1	1	4086	8882	12286	15679	9710	13026	7895	10758	10725	7468	1459	1194
AT2G04410.1	RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	1.46E-01	1.40	94	1	1	17773	23270	6128	4382	11088	15172	26357	20023	16802	18540	16822	10541
AT1G21650.3	SECA2 - Preprotein translocase SecA family protein	1.46E-01	1.14	83	2	1	477269	418968	356512	417192	399200	422324	467099	603341	530817	412878	445344	382164
AT3G48930.1;AT4G30800.1	EMB1080 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	1.47E-01	1.24	69	2	2	70134	44556	79280	54991	68096	50936	70870	54932	63156	74707	81209	112874
AT1G67490.1	GCS1, KNF - glucosidase 1	1.47E-01	1.14	23	1	1	98660	77830	135416	114590	108092	99442	136943	113675	135291	117171	115993	102381
AT1G16452.1;AT1G16460.2	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	1.47E-01	1.09	191	4	4	154827	147481	158985	180774	189862	184660	148158	165200	141281	161415	171182	145219
AT2G17240.1;AT3G24506.1	unknown protein	1.48E-01	1.96	77	2	2	241386	260994	191541	197870	208651	243786	174370	201661	275250	273503	907798	799285
AT5G23570.1	SGS3, ATSGS3 - XS domain-containing protein / XS zinc finger domain-containing protein-related	1.48E-01	1.79	96	2	2	21043	36152	22212	25544	14959	23292	19522	22077	32206	24921	77599	80204
AT3G56860.1;AT2G41060.1	UBA2A - UBP1-associated protein 2A	1.49E-01	1.62	175	5	5	60166	84173	74426	62923	71451	61208	68572	63921	76908	68056	185353	209012
AT3G11930.1;AT3G11930.3	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.49E-01	1.11	378	7	7	3364861	3518805	4494801	4551555	3761431	3752986	3861194	4030998	3288105	3362767	3393274	3216289
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	1.49E-01	1.59	473	9	9	1387393	1319728	847960	814236	1007536	962281	883754	896015	1319470	1308357	2879232	2780872
AT4G39820.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.49E-01	1.11	34	1	1	28906	32012	29348	29001	30462	29169	29288	30847	29359	20551	29323	22146
AT4G01400.1	unknown protein	1.49E-01	1.19	196	4	3	121636	134720	80456	93849	116603	141139	103235	109686	106993	91823	76159	89773
AT1G50920.1	Nucleolar GTP-binding protein	1.50E-01	3.75	46	1	1	1885	8483	2564	783	452	2104	2888	752	3675	4265	31920	17461
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	1.50E-01	1.10	442	10	10	541303	512392	528546	589768	542254	509363	584673	566534	462433	466064	465759	373908
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	1.50E-01	1.86	1034	21	20	4171187	4076821	2475650	2621224	3852527	3760618	3242251	3142054	3735285	3925818	12579458	12456077
AT1G53430.2	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	1.51E-01	2.16	109	1	1	12660	20312	5681	8512	9455	11733	9798	10491	9992	16287	50861	50016
AT2G22795.1	unknown protein	1.51E-01	4.00	188	5	5	12422	15793	5605	25874	14935	17687	15611	12440	14987	16484	139304	170055
AT5G55230.1;AT5G55230.2	ATMAP65-1, MAP65-1 - microtubule-associated proteins 65-1	1.52E-01	2.56	155	4	2	3012	2190	5677	2502	3373	4296	3630	3256	3205	4535	29326	9836
AT1G49240.1;AT2G42090.1	ACT8 - actin 8	1.52E-01	1.46	3851	66	2	90065	66616	130756	123892	129102	119960	110780	118613	106346	89910	13858	13119
AT5G65410.1	ATHB25, ZFHD2, HB25, ZHD1 - homeobox protein 25	1.52E-01	1.64	510	9	9	576888	497521	466971	436151	525376	566720	417927	448503	545030	715886	1362014	1536323
AT3G49601.1	unknown protein	1.53E-01	1.96	182	4	4	49686	52074	45079	51248	46083	40540	40895	38677	58351	55532	184949	179180
AT2G44610.1	RAB6, ATRABH1B, ATRAB6A, RAB6A - Ras-related small GTP-binding family protein	1.53E-01	1.27	113	2	1	47009	62419	40989	65638	56053	56491	54338	61365	47808	49211	22984	23375
AT5G51980.1;AT5G51980.2	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.54E-01	2.30	29	1	1	283	605	395	204	1035	532	404	393	261	169	104	0
AT3G49720.1;AT5G65810.1	unknown protein	1.54E-01	1.27	180	5	5	94394	96077	112979	91678	108198	97331	105766	95187	95503	103784	34055	39424
AT3G50560.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.54E-01	1.16	79	2	2	25191	27932	19198	16401	23350	21594	26171	23359	22050	22401	28896	32729
AT2G26770.1	plectin-related	1.55E-01	1.27	26	1	1	43494	36082	32736	31643	29714	27080	42188	32272	31848	23058	11610	16665
AT2G45770.2	CPFTSY - signal recognition particle receptor protein, chloroplast (FTSY)	1.55E-01	1.33	66	1	1	6660	9271	4116	4417	9769	9338	9120	13572	8476	11093	5568	10162
AT4G10750.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	1.56E-01	3.97	65	1	1	7180	6717	3313	5156	6208	6925	4802	3563	7641	9310	61774	53962
AT5G60790.1	ATGCN1, GCN1 - ABC transporter family protein	1.56E-01	1.16	302	4	4	43716	59770	76168	63435	57087	53328	61845	72016	51329	69645	76273	79521
AT4G29220.1	PFK1 - phosphofructokinase 1	1.56E-01	1.55	77	2	1	2618	5658	7848	9675	6780	9075	4296	7369	4345	9055	878	903
AT1G56330.1;AT1G02620.1;AT1G09180.1	SAR1, ATSAR1, ATSARA1B, ATSAR1B, SAR1A - secretion-associated RAS 1B	1.56E-01	1.09	482	12	3	62525	64862	56640	53108	70142	55990	60542	62911	67912	58776	72998	73809
AT5G23540.1;AT5G23540.2	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.56E-01	1.17	631	12	12	1230681	1410158	2044621	2122489	1492616	1575676	1469111	1446303	1461823	1363674	1404281	1308479
AT1G07890.1	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	1.56E-01	1.17	138	3	3	76131	88747	73994	76062	78643	81272	87593	84467	72053	79282	130800	100762
AT5G05620.1	TUBG2, ATGCP2, GCP2 - gamma-tubulin complex protein 2	1.56E-01	1.45	38	1	1	4557	4403	1431	2548	4418	4096	2553	2094	2573	2375	2877	2344

AT3G52730.1	ubiquinol-cytochrome C reductase UQCRX/QCR9-like family protein	1.57E-01	1.33	68	2	2	62716	78752	116519	141279	115381	134428	84118	104521	96437	61760	95822	44545
AT3G19770.1	ATVPS9A, VPS9A, VPS9 - Vacuolar sorting protein 9 (VPS9) domain	1.57E-01	1.24	354	8	7	231105	223349	165656	178645	172152	194816	175446	188293	223048	205592	339248	316949
AT1G68560.1	ATXYL1, XYL1, TRG1 - alpha-xylosidase 1	1.57E-01	1.47	39	1	1	8067	24698	38102	50599	38876	38935	54858	39728	27717	38762	76033	55287
AT5G62600.1	ARM repeat superfamily protein	1.57E-01	1.30	48	2	2	12520	20204	4380	3731	13603	11878	12286	13866	14569	14096	16276	15204
AT2G42740.1;AT3G58700.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	1.58E-01	1.19	157	3	3	165065	181293	251476	274680	204731	228214	201017	220747	191812	203112	148596	128101
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	1.58E-01	1.45	248	5	5	489287	469059	417150	418035	441874	495597	391114	377824	560826	540606	1045599	1046471
AT3G11830.1;AT3G11830.2	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.58E-01	1.17	450	10	10	368224	388793	502549	513645	396107	406535	453365	442976	384930	379958	276678	271311
AT1G43190.1	PTB3 - polypyrimidine tract-binding protein 3	1.58E-01	1.20	313	6	6	446231	456869	576616	586756	519395	505708	576264	527794	479000	449134	258857	290785
AT2G34420.1;AT2G34430.1	LHB1B2, LHCB1.5 - photosystem II light harvesting complex gene B1B2	1.58E-01	1.38	647	11	1	86655	99608	108890	126051	123786	127507	220539	217048	164848	146942	97436	83507
AT5G64160.1	unknown protein	1.59E-01	2.08	165	3	3	65659	84876	62429	57963	69205	67693	57007	53892	81923	84123	320990	250044
AT1G50600.1;AT5G48150.1	SCL5 - scarecrow-like 5	1.59E-01	1.43	72	3	1	5837	10499	4050	8790	6567	6306	10006	6214	6951	2895	916	2389
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	1.59E-01	1.22	370	5	5	1600362	1634313	2541452	2578578	2080194	1972864	1857102	1948818	2031645	1997719	1173236	1138172
AT2G24070.1	QWRF4 - Family of unknown function (DUF566)	1.60E-01	1.23	27	1	1	5821	5118	8200	7101	10124	7899	9144	8227	9032	12687	6166	9189
AT5G53530.1;AT4G27690.1	VPS26A - vacuolar protein sorting 26A	1.60E-01	1.14	310	8	8	452386	415515	322179	327626	409658	421072	422098	429582	388581	376501	546153	504801
AT1G22450.1	COX6B, ATCOX6B2 - cytochrome C oxidase 6B	1.60E-01	2.27	139	2	2	99875	124345	65308	77966	78920	82046	81263	75149	94861	95292	438938	413856
AT3G28030.1	UVH3, UVR1 - 5'-3' exonuclease family protein	1.60E-01	2.76	33	1	1	1154	1043	311	256	1158	1948	1624	322	2668	896	6477	4223
AT5G67350.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736; Fi	1.61E-01	1.22	29	1	1	43743	40932	33558	32652	46198	46985	47498	52035	37326	48607	74303	38353
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	1.61E-01	2.17	566	13	9	3525266	3228060	3002146	2315613	2706559	2796460	2464641	2573424	3207257	3395940	13426696	13089042
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	1.61E-01	1.12	301	8	8	500559	534470	566698	581368	516205	500329	637243	724852	590108	609079	548478	460927
AT2G42600.1	ATPPC2, PPC2 - phosphoenolpyruvate carboxylase 2	1.61E-01	2.18	24	1	1	6889	9357	3483	4947	6893	6789	4906	4061	4077	4148	411	0
AT3G56430.1	unknown protein	1.61E-01	8.79	30	1	1	979	2477	520	173	1932	1285	859	442	1868	1746	25733	34084
AT3G51800.1	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	1.61E-01	1.56	87	1	1	36639	34356	29638	27684	23367	23245	25342	24691	44560	28483	83038	66812
AT5G54390.1	AHL, ATAHL, HL - HAL2-like	1.61E-01	1.39	28	1	1	17569	20362	24491	21779	30778	27364	21344	24522	21928	24929	6523	3472
AT2G47940.1;AT2G47940.2	DEGP2 - DEGP protease 2	1.62E-01	1.18	200	3	3	152444	150523	139101	160872	154803	133382	170277	170556	135420	113517	79084	85035
AT5G13450.1;AT5G13450.2	ATP5 - delta subunit of Mt ATP synthase	1.62E-01	1.26	162	5	4	217414	187306	416484	334809	279364	274724	253744	256908	259867	224335	192790	171893
AT4G13520.1	SMAP1 - small acidic protein 1	1.62E-01	3.14	58	1	1	158755	171880	57973	71432	104540	92057	87420	85832	123473	128033	860518	773562
AT3G15810.1	Protein of unknown function (DUF567)	1.63E-01	1.30	25	1	1	5219	4086	3724	4712	3222	3140	5368	5688	4267	3267	0	0
AT1G23680.1	Domain of unknown function (DUF220)	1.63E-01	1.57	20	1	1	5591	7804	2967	876	3276	3547	6155	5893	4705	8381	2470	10181
AT4G26630.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	1.63E-01	6.70	23	1	1	346	1325	256	334	0	425	593	294	451	259	7615	8793
AT2G20470.1	AGC (cAMP-dependent, cGMP-dependent and protein kinase C) kinase family protein	1.63E-01	2.09	23	1	1	4338	8316	3873	1476	5387	4656	8655	6565	5588	2672	7360	27678
AT5G04900.1	NOL - NYC1-like	1.64E-01	1.23	109	3	3	33111	37082	57308	46809	48303	39618	49560	43457	37895	34735	22314	26107
AT2G44880.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	1.64E-01	1.34	32	1	1	3867	2721	2400	1940	3415	4519	1967	3122	2338	3368	1156	2177
AT1G74690.1	IQD31 - IQ-domain 31	1.64E-01	1.65	84	2	1	231005	180840	193103	162698	235300	202169	211148	132204	216786	294317	601989	530147
AT2G20190.1	ATCLASP, CLASP - CLIP-associated protein	1.64E-01	2.02	129	2	2	37658	42383	18578	20591	28331	32876	22921	31465	30034	35683	137676	107555
AT3G56330.1	N2,N2-dimethylguanosine tRNA methyltransferase	1.65E-01	1.33	21	1	1	1678	843	1859	801	944	1139	1933	1425	1380	724	0	0
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	1.65E-01	1.17	1438	25	23	1304308	1310189	2137921	2301406	1643878	1661893	2174425	2124729	2289060	2225282	1686216	1626773
AT5G49310.1	IMPA-5 - importin alpha isoform 5	1.65E-01	2.45	28	1	1	1100	1008	1275	2140	2308	3176	940	2038	2627	2191	10692	8461
AT2G34970.1;AT4G18300.1	Trimeric LpxA-like enzyme	1.65E-01	1.24	85	3	3	51778	44859	30978	25142	54266	45841	46736	39585	45119	47542	68023	67277
AT1G18620.1	unknown protein	1.65E-01	1.33	24	1	1	5806	5268	5753	2405	6797	6540	11609	7855	6463	5823	6581	4939
AT5G51140.2	Pseudouridine synthase family protein	1.65E-01	1.07	22	1	1	140529	121252	115472	122189	127222	124534	125087	136171	132461	119967	151670	136118
AT5G22780.1;AT5G22770.1	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	1.65E-01	1.12	1066	19	19	1848081	1733161	1344991	1446944	1751425	1829057	1631970	1750281	1459539	1478696	1335033	1233526
AT5G23730.1	RUP2 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.65E-01	1.41	24	1	1	49231	31468	73596	44306	45882	39000	56438	49169	33677	42110	12663	7096
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	1.66E-01	1.11	418	9	9	352162	395135	242699	265329	357220	362620	379314	364455	374597	377689	336216	368664
AT4G33540.1	metallo-beta-lactamase family protein	1.66E-01	2.89	25	1	1	5070	4283	11037	3630	5568	3298	5438	3461	5514	7052	31940	41776
AT1G64880.1	Ribosomal protein S5 family protein	1.66E-01	1.78	358	9	8	836026	801359	656449	644695	739292	688216	632486	596707	853926	839588	2678760	2156841
AT5G09810.1;AT2G42170.1	ACT7 - actin 7	1.66E-01	1.10	2590	50	14	13156664	13854414	12551894	13912609	12792073	13770100	16155359	16486513	15132249	15220096	12839952	11862106
AT1G19870.1	iqd32 - IQ-domain 32	1.67E-01	2.27	338	7	7	111437	101518	82881	69576	121756	95706	82548	84133	107136	106764	483329	458477
AT3G51050.1	FG-GAP repeat-containing protein	1.67E-01	2.52	22	1	1	40210	47401	23836	30476	29280	33859	21730	29927	41291	48289	204669	170689
AT3G15980.1;AT3G15980.5	Coatomer, beta' subunit	1.68E-01	1.58	1102	21	3	314791	445275	181873	270487	308444	390452	258925	321116	335631	376172	959296	777657
AT1G80490.1	TPR1 - TOPLESS-related 1	1.68E-01	1.18	849	21	1	57817	34092	44325	24834	42708	38303	51303	47344	43677	41805	42482	58909
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	1.68E-01	1.14	2415	36	35	39919724	41345113	54779417	58947776	39809227	42789981	43470697	44999065	41018763	41513464	38702178	34214832
AT1G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	1.68E-01	1.49	470	11	9	323990	302207	232544	210217	244686	251293	219490	242040	280817	315685	533795	732959
AT5G14430.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.68E-01	1.64	74	2	1	6570	5729	4360	3794	6319	3052	4534	3405	7403	5981	14886	12733
AT4G34880.1	Amidase family protein	1.69E-01	1.40	23	1	1	3283524	3052193	3214390	3793278	2181117	2524635	3676060	3075420	2918884	2690482	282400	286259
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.69E-01	1.77	166	3	3	50257	41074	31314	30518	43851	45328	37508	34526	45762	41782	130421	138753
AT4G25880.3	APUM6, PUM6 - pumilio 6	1.69E-01	1.62	102	3	3	67352	51807	63001	39228	62346	74881	54997	51023	71177	63040	194198	147997
AT4G23940.1	FtsH extracellular protease family	1.69E-01	1.50	23	1	1	11264	12320	12667	15730	5522	9208	13117	14305	7707	7862	259	1233
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	1.69E-01	1.58	642	12	12	963387	1063304	810344	832732	912285	899381	817441	821908	996576	974817	2503600	2553503
AT2G33220.1	GRIM-19 protein	1.69E-01	1.33	21	1	1	5162	5818	11030	11167	7829	9771	8438	8994	3734	6949	4920	5189
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	1.70E-01	1.40	1658	28	12	2671208	2749734	2022879	2108457	2274259	2280356	2108316	1984209	2768501	2625100	5291685	5038464
AT5G08540.1	unknown protein	1.70E-01	1.83	298	5	5	358743	370704	314985	290499	299945	401491	269871	291043	396883	402798	1295190	1073367
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	1.71E-01	1.28	76	3	3	99577	105555	144366	136284	113056	97122	117123	131217	110586	102295	37057	45602
AT5G52190.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	1.71E-01	1.41	76	1	1	12069	12618	4679	8233	6251	8566	4426	8910	5582	2021	951	15250
AT3G61140.1	FUS6, ATFUS6, CSN1, COP11, EMB78, ATSK31, SK31 - 26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome com	1.71E-01	1.12	270	6	6	299161	306789	255083	291670	286433	309285	300294	319836	266320	256432	179959	234872
AT5G14060.1;AT3G02020.1	CARA8-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	1.71E-01	1.23	121	4	3	81028	76775	51904	64605	64967	67883	72874	66871	58590	70066	30650	31650
AT1G04670.1	unknown protein; Has 40 Blast hits to 40 proteins in 14 species: Archae - 2; Bacteria - 5; Metazoa - 1; Fungi - 2; I	1.71E-01	11.28	27	1	1	2752	2288	3025	3889	3877	3464	3137	2348	2072	5227	110906	94025
AT4G23850.1;AT3G49645.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	1.72E-01	1.15	854	14	14	572706	594479	399754	438285	618745	630446	504623	540437	441712	447275	474771	416969
AT4G39920.1	POR, TFC C - C-CAP/cofactor C-like domain-containing protein	1.72E-01	3.11	22	1	1	6133	11417	5776	2864	7834	10622	6149	4127	13346	7952	59433	47887
AT4G19210.1	ATRLI2, RLI2 - RNAse l inhibitor protein 2	1.72E-01	1.25	53	1	1	3414	3262	4970	4924	6546	5321	6895	7254	3804	4943	7239	5376
AT1G15750.1	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.73E-01	1.18	1033	24	4	177014	152710	115632	104225	172045	165322	161267	147618	149587	158509	202619	223959
AT1G42550.1	PMI1 - plastid movement impaired1	1.73E-01	1.50	882	19	18	1528064	1523051	1236065	1301644	1367035	1297383	1305648	1287480	1412656	1387002	3532355	3427079
AT3G29160.1;AT5G39440.1	AKIN11, SNRK1.2, KIN11, ATKIN11 - SNF1 kinase homolog 11	1.74E-01	1.15	195	5	2	49532	50288	46006	46303	53370	58017	55066	55658	48405	49999	81524	56958
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.74E-01	1.14	263	5	5	143974	167433	197448	262933	162852	167835	189497	175506	210122	205628	232953	246859
AT4G12730.1	FLA2 - FASCICLIN-like arabinogalactan 2	1.74E-01	1.64	53	2	2	20544	30576	18720	22457	20540	23110	17723	20071	27253	25977	66750	65512
AT5G52790.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	1.74E-01	1.53	21	1	1	93155	119890	231500	315026	137619	165311	172782	218892	139423	138030	10802	15455
AT5G17510.1	unknown protein	1.74E-01	1.89	65	2	2	73098	58594	55960	46447	72971	70055	51797	62292	81516	54832	252300	209368
AT3G01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	1.74E-01	1.68	229	5	4	187573	185064	121063	148463	186125	193116	141492	153048	195113	185659	491565	553535
AT3G24090.1	glutamine-fructose-6-phosphate transaminase (isomerizing)s;sugar binding;transaminases	1.75E-01	1.35	39	1	1	18782	24111	11949	25251	22246	36287	21336	12529	21896	19856	11698	15734
AT5G62690.1	TUB2 - tubulin beta chain 2	1.75E-01	1.10	3534	59	4	2075028	2127666	1572320	1688862	2182076	2330898	2217922	2257600	1999261	2128110	2391217	2131305
AT5G22640.1;AT5G22640.2	emb1211 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	1.76E-01	1.54	429	10	10	323249	311407	307811	327218	423233	436847	280381	262696	500546	473270	808520	949397
AT4G03140.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.76E-01	1.38	25	1	1	22838	15923	10639	12509	20278	17583	18973	15567	28436	13239	23133	38058
AT3G22630.1;AT4G14800.1	PBD1, PRCGB - 20S proteasome beta subunit D1	1.76E-01	1.21	101	2	1	61978	57055	64180	57112	48935	40604	59416	48827	49548	57069	29725	29024
AT1G09140.1	ATSRP30, SR30, At-SR30 - SERINE-ARGININE PROTEIN 30	1.76E-01	1.16	23	1	1	120321	106984	120106	109635	110786	89333	167436	128594	98080	111418	108783	150387
AT5G55670.1;AT5G55670.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.76E-01	2.06	219	5	4	83031	68264	43147	46118	55913	54387	43448	51072	63456	73907	251015	240468
AT2G42750.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	1.77E-01	1.30	45	1	1	8071	13022	12814	15503	13374	16049	11967	16115	14212	13857	29765	16573
AT2G28830.1	PUB12, AtPUB12 - PLANT U-BOX 12	1.77E-01	1.14	50	1	1	91898	79741	113435	129156	98921	100333	73236	90017	86867	96697	82752	108470
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	1.77E-01	1.16	134	2	2	25698	19739	25160	34160	26338	23708	25410	27908	28539	27083	41133	28948
AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.77E-01	1.48	1285	25	21	3377092	3718634	2672529	2818321	2888759	3082497	2651629	2723717	3364554	3570384	8032486	7198971
AT1G55160.3;AT1G55160.1;AT1G55160.2	unknown protein	1.78E-01	1.83	26	1	1	6839	5556	8505	5680	10171	10039	4216	7035	3452	6650	4223	21
AT1G22410.1	Class-II DAHP synthetase family protein	1.78E-01	1.07	798	15	11	734148	779213	771594	886314	815812	852603	757660	771699	695358	731201	890493	664596
AT1G00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	1.78E-01	1.15	967	12	11	3403996	3606583	3959706	4578413	3315490	3936390	3945078	3785006	3640720	3654992	2413269	2423490
AT1G30360.1	ERD4 - Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)	1.78E-01	1.20	316	6	6	226832	198169	117319	101582	193858	211626	251134	237263	175410	171469	212602	216522
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	1.79E-01	1.69	516	9	9	936810	1104411	668633	840668	947736	1131132	797105	815021	1060209	1023577	2803641	3013843
AT1G73170.2;AT1G73170.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.79E-01	30.65	20	1	1	0	0	0	0	156	0	0	478	0	0	3690	608
AT5G42970.1	COP8, FUS4, EMB134, COP14, CSN4, FUS8, ATS4 - Proteasome component (PCI) domain protein	1.80E-01	1.07	387	9	9	509187	489460	502229	488823	474994	503977	531288	534688	437693	445649	429679	399819

AT4G38600.1;AT4G38600.2	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	1.80E-01	1.83	272	6	6	264925	233652	169851	163700	207480	205668	158725	182145	255118	226976	740566	714591
AT1G23490.1;AT1G10630.1	ATARFA1A, ATARF1, ATARF, ARF1 - ADP-ribosylation factor 1	1.81E-01	1.06	516	13	2	322269	346571	352392	364865	378736	328708	306258	310434	362545	335022	314708	353354
AT1G32470.1;AT2G35370.1	Single hybrid motif superfamily protein	1.81E-01	1.33	37	1	1	7371	12759	22259	31522	14497	18255	15425	31352	15316	28243	25821	25774
AT3G08840.2;AT3G08840.1	D-alanine--D-alanine ligase family	1.81E-01	1.10	231	5	4	109445	107947	84795	99083	127046	128183	134549	131582	109904	114610	109263	125514
AT1G70070.1	EMB25, PDE317, ISE2 - DEAD/DEAH box helicase, putative	1.82E-01	1.12	110	2	2	36837	36800	30793	27091	40328	43810	35750	43996	36890	38067	45594	40402
AT1G65290.1	mtACP2 - mitochondrial acyl carrier protein 2	1.82E-01	1.37	72	1	1	47341	35232	62384	37680	44264	39283	43768	42514	51879	41810	4853	9712
AT5G09995.2;AT5G09995.1;AT5G09995.3	unknown protein	1.82E-01	1.54	45	2	1	19261	6982	18665	5316	12633	12161	13592	10796	7246	8810	3039	5132
AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein	1.82E-01	1.40	98	1	1	16234	16453	33431	41369	21502	24795	22701	24042	22513	22161	8040	10618
AT5G53850.2;AT5G53850.1	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	1.82E-01	1.38	47	2	2	17829	20359	28829	29881	16094	17274	23243	24343	17470	18104	3294	8199
AT3G15340.1	PPI2 - proton pump interactor 2	1.82E-01	1.36	20	1	1	65909	36049	98449	53964	68886	39778	62682	39302	55188	53064	29820	26414
AT1G44910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	1.83E-01	3.06	24	1	1	11268	8385	6815	6372	15394	13158	7682	5821	14351	14113	64168	81525
AT1G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	1.83E-01	1.22	160	3	3	112379	109528	97867	104758	122816	125563	140955	154848	172837	163675	95882	91721
AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamma-2 COP, putative	1.83E-01	1.10	1651	27	26	3805301	4335341	2821521	3122275	3807858	3912533	4038088	4128685	3805820	3722360	4416735	3796071
AT2G40130.2	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.83E-01	1.17	22	1	1	18656	14501	20828	17624	15527	13829	18158	16278	11475	16860	9961	13823
AT4G27730.1	ATOPT6, OPT6 - oligopeptide transporter 1	1.84E-01	1.20	22	1	1	46432	54454	71431	74698	67398	63924	52630	56290	68767	67648	34939	34832
AT5G40870.1;AT3G27190.1	ATUK/UPRT1, UKL1, UK/UPRT1 - uridine kinase/uracil phosphoribosyltransferase 1	1.84E-01	1.07	278	6	5	246603	234458	286049	300256	266324	273740	266468	265471	297115	272779	314300	302719
AT5G13640.1	ATPDAT, PDAT, PDAT1 - phospholipid:diacylglycerol acyltransferase	1.84E-01	1.92	30	1	1	51987	65988	47466	68516	68347	49813	48699	52057	55902	71955	225873	219894
AT5G45010.1	ATDSS1(V), DSS1(V) - DSS1 homolog on chromosome V	1.84E-01	3.47	202	2	2	214652	297724	125775	161187	185851	242530	129341	170205	230427	259210	1669202	1802469
AT5G19320.1	RANGAP2 - RAN GTPase activating protein 2	1.84E-01	1.57	83	2	2	52388	63202	36141	45692	48911	53233	38662	39346	65921	61826	139476	126293
AT5G16210.1	HEAT repeat-containing protein	1.84E-01	1.37	55	1	1	59542	49069	51150	31834	96666	39333	73631	26603	30819	29396	23826	54605
AT1G72640.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.84E-01	1.88	50	1	1	2364	7197	3479	1619	2501	2694	2008	2367	4386	5484	11153	11861
AT4G12550.1	AIR1 - Auxin-Induced in Root cultures 1	1.85E-01	1.15	26	1	1	304633	405480	218645	259415	314125	405237	333408	357719	346399	357591	457273	339259
AT5G54440.1	CLUB, AtTRS130 - CLUB	1.85E-01	1.11	375	9	9	267476	279258	240481	231132	270979	302312	271819	290779	235344	247977	192268	189380
AT3G55480.2	PAT2 - protein affected trafﬁcking 2	1.86E-01	2.28	31	1	1	7817	8734	5013	5615	10709	7881	6203	5133	9704	9252	37372	36650
AT3G61870.1	unknown protein	1.86E-01	1.43	58	1	1	33949	37891	11501	18063	30182	25483	47991	58918	36765	37980	25685	17721
AT3G15730.1;AT1G52570.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	1.86E-01	1.07	1263	26	26	3713586	3975615	3209018	3584075	3814158	3902652	3749053	3903617	3682338	3670651	4507190	4212181
AT4G10480.1;AT4G10480.2	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	1.86E-01	1.66	310	5	5	1433974	1520319	1173146	1157725	1151005	1163320	1085355	1050021	1443311	1386757	3764085	3896408
AT4G29440.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	1.86E-01	1.94	473	12	11	251601	245649	188441	186826	215830	250031	165866	190877	252918	269033	905615	816543
AT5G27640.1;AT5G27640.2	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	1.86E-01	1.15	1371	28	7	430187	426938	333318	359401	420585	415666	382812	342259	475902	437444	568059	539992
AT1G09130.3;AT1G09130.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	1.87E-01	1.09	854	18	17	4657445	4608321	5887754	6100560	4912105	4965227	4951605	5152398	4569717	4458109	5047210	4445962
AT5G51500.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	1.87E-01	1.52	21	1	1	30788	37450	7258	8602	16223	18587	16499	20818	20132	21422	50174	51606
AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.87E-01	1.32	2424	34	2	71995	60154	113808	129129	68953	70293	85419	85359	74186	73517	34114	37194
AT3G62560.1	Ras-related small GTP-binding family protein	1.88E-01	1.09	417	10	1	25158	24058	30279	23740	26765	26927	23939	26177	28598	23048	19448	22373
AT4G34740.1;AT2G16570.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	1.88E-01	1.14	287	7	6	325080	275163	361927	353488	309439	307181	329196	343008	334498	274752	210124	205947
AT4G15560.1;AT3G21500.1	CLA1, DEF, CLA, DXS, DXPS2 - Deoxyxylulose-5-phosphate synthase	1.88E-01	1.18	330	5	5	296878	286099	428063	425924	362935	383048	501616	531714	420507	444543	369057	300506
AT5G60600.3;AT5G60600.1	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	1.88E-01	1.87	46	1	1	11545	8859	9753	6905	8441	8918	8616	13346	6592	8167	36366	28661
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	1.89E-01	1.13	211	4	3	253188	211733	281006	323499	235029	253964	247067	225712	268839	251353	177128	211321
AT5G67385.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	1.89E-01	1.12	314	6	6	183277	195691	121154	185095	219081	205157	226522	215988	200735	187598	189878	225148
AT1G09870.1	histidine acid phosphatase family protein	1.90E-01	1.26	34	1	1	3824	2364	2046	2349	4470	4408	3766	4445	3648	2542	4683	5340
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	1.90E-01	1.78	310	5	5	307069	263702	148213	136083	210718	198342	178308	164243	230694	253767	719805	699674
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	1.90E-01	1.32	51	1	1	16934	13712	28213	34913	21386	19803	21048	23551	15326	17709	9114	15394
AT5G51430.1	EYE - conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	1.90E-01	1.17	362	4	4	110074	136929	84423	90070	111439	115220	103440	106795	104060	102791	65313	73245
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGSL1 - glutamine synthetase 2	1.90E-01	1.10	2295	33	26	15264992	16076599	19051324	19879580	15629129	16085391	17357664	17625116	15568498	15341495	13444583	13795056
AT1G54410.1	dehydrin family protein	1.91E-01	1.58	225	4	4	312037	485959	306715	233373	534362	414525	378711	282629	436020	420729	980140	1110246
AT1G68280.1	Thioesterase superfamily protein	1.91E-01	1.31	25	1	1	13947	9914	5980	14327	9448	8836	11593	5696	11299	8757	4896	5532
AT1G24460.1;AT1G24460.2	unknown protein	1.91E-01	1.86	230	3	3	352721	391133	236920	257569	342282	362585	243528	258751	372746	410637	1210370	1119901
AT4G33080.1	AGC (cAMP-dependent, cGMP-dependent and protein kinase C) kinase family protein	1.92E-01	1.21	26	1	1	71083	67675	122894	103572	86205	90697	94287	83638	77734	84851	59009	49202
AT2G41120.1	unknown protein	1.92E-01	2.51	45	1	1	16299	13903	5569	6544	7819	9412	6695	7111	13622	11355	61116	49370
AT5G24710.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.92E-01	1.30	118	3	3	248968	198423	207664	183412	218725	196619	204148	208038	219512	190868	438590	367065
AT1G52320.2;AT1G52320.1	unknown protein	1.92E-01	1.87	181	4	3	41428	45954	34641	33309	33484	32657	22687	36396	50396	43792	165853	96056
AT5G44320.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7 (eIF-3)	1.92E-01	1.83	20	1	1	1191	1790	5631	4044	2742	3137	2864	2249	2664	2204	0	145
AT1G65540.1	LETM1-like protein	1.92E-01	1.70	243	5	4	90463	82461	48292	57893	68888	86083	53001	61922	87243	86890	232775	215462
AT2G13370.1	CHRS	1.93E-01	5.52	50	2	1	2169	1414	0	339	1496	1736	415	884	2141	1366	13546	21145
AT4G16370.1	ATOPT3, OPT3 - oligopeptide transporter	1.93E-01	1.29	31	1	1	5941	9166	4137	4200	5630	6246	8431	8557	4025	6239	8266	10074
AT5G20720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	1.93E-01	1.18	167	4	4	317814	243491	400565	457600	211963	226672	306980	324293	341901	361783	436611	416503
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	1.93E-01	1.22	300	6	6	222159	255234	388669	412282	236518	233745	228886	219916	279257	280724	218442	203762
AT5G45170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	1.93E-01	1.30	42	1	1	6985	11082	14648	22080	13856	11147	16721	23226	20438	20793	12053	10620
AT1G79340.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	1.93E-01	2.17	181	3	2	100473	93584	55097	69182	89934	91129	76867	74362	80178	80715	371651	400409
AT1G07480.1;AT1G07470.1	Transcription factor IIA, alpha/beta subunit	1.94E-01	1.82	369	5	5	730025	746724	501786	533423	586913	603828	493797	474112	718856	757517	2428501	1867202
AT1G66070.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	1.94E-01	1.65	151	3	3	364047	325200	192967	188791	257442	260607	202522	214873	320887	322432	824361	738182
AT2G35780.1	scpl26 - serine carboxypeptidase-like 26	1.94E-01	1.08	208	4	4	166851	159167	152140	181116	179343	187679	191243	195541	181738	173830	205321	156435
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	1.95E-01	1.17	236	5	5	171176	193690	234960	244782	189329	199366	204906	200908	203979	218692	337997	272919
AT5G35930.1	AMP-dependent synthetase and ligase family protein	1.95E-01	1.41	29	1	1	23582	28035	19533	30149	23432	26638	23962	19790	25356	34662	65846	44297
AT5G47480.1	RGPR-related	1.96E-01	1.82	748	13	13	506105	450922	342943	359446	406758	422704	352117	344095	434916	463224	1467055	1467486
AT1G17070.1	GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein with Tuftelin interacting domain	1.96E-01	2.84	39	1	1	32218	27488	16643	14522	26714	30071	23801	16736	28589	23081	187043	140552
AT5G53560.1	ATB5-A, B5 #2, ATCB5-E, CB5-E - cytochrome B5 isoform E	1.96E-01	2.29	41	1	1	1539	2077	546	229	6405	5557	3770	2441	1928	1174	12671	15536
ATCG00280.1	PSBC - photosystem II reaction center protein C	1.96E-01	1.38	106	2	2	83200	79123	43217	40757	83002	84508	145079	149945	71295	67026	73011	64308
AT3G27740.1	CARA - carbamoyl phosphate synthetase A	1.97E-01	1.22	23	1	1	9255	7418	15318	14102	10850	9611	9289	10929	7288	7028	9720	10100
AT5G12860.1	DiT1 - dicarboxylate transporter 1	1.97E-01	1.32	41	1	1	26544	31346	8860	8025	17802	19512	32565	30048	19796	14749	28138	22108
AT1G72910.1	Toll-Interleukin-Resistance (TIR) domain-containing protein	1.97E-01	1.17	56	2	2	27493	26117	25207	24316	24233	25760	21970	25029	25192	30460	37453	39273
AT1G24120.1	ARL1 - ARG1-like 1	1.97E-01	1.31	51	1	1	39858	49804	20418	24473	38313	50482	31732	32147	49428	46402	63730	70198
AT1G64750.1;AT1G64750.3	ATDSS1(I), DSS1(I) - deletion of SUV3 suppressor 1(I)	1.98E-01	3.26	250	3	3	417745	480294	277078	309785	387803	427531	273061	311981	402998	437243	3179599	2902763
AT2G29560.1	ENOC - cytosolic enolase	1.98E-01	8.36	25	1	1	6886	12770	3476	3687	11707	15923	10082	4665	9302	6280	244641	180272
AT5G51120.1;AT5G51120.2;AT5G51120.3	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	1.98E-01	2.24	336	6	4	71684	62174	70484	57768	120149	94609	66658	58147	93598	83386	358739	406625
AT2G19900.1	ATNADP-ME1, NADP-ME1 - NADP-malic enzyme 1	1.98E-01	16.04	25	1	1	1867	4458	0	0	0	906	0	451	0	0	0	0
AT1G17940.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	1.99E-01	1.43	31	1	1	132115	186572	88046	135233	107924	145431	111634	133219	121289	166331	344922	256270
AT4G31080.2	Protein of unknown function (DUF2296)	1.99E-01	1.37	114	3	3	193252	258657	131975	334924	300661	297537	223080	215074	255513	399095	435444	545847
AT4G34920.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	1.99E-01	1.12	469	11	8	867395	857909	892062	887272	932925	955551	1140017	1042954	1166470	1068907	864369	748847
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	2.00E-01	1.44	3578	51	50	20102686	21360432	14936954	16779036	14618848	15282498	14150028	14559874	19685494	19754273	42540516	37898550
AT4G15160.1;AT3G22120.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.00E-01	2.06	47	1	1	2204	2991	313	2620	451	1503	1291	1160	5582	8915	1598	2241
AT5G56180.1	ATARP8, ARP8 - actin-related protein 8	2.00E-01	1.30	24	1	1	410511	436821	239356	248054	332646	340255	347133	381366	307400	307082	664408	596640
AT1G20540.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.00E-01	1.22	35	1	1	15078	12333	12925	13146	17017	15768	13062	16672	14611	14008	27490	19107
AT3G04050.1	Pyruvate kinase family protein	2.00E-01	1.17	91	4	1	222555	341166	253170	345777	236178	319271	271630	296234	233813	281395	212589	169217
AT3G48440.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.01E-01	2.07	63	2	2	34010	39081	26294	25190	34512	36973	27300	26617	34716	35750	166345	114795
AT5G67500.2;AT5G67500.1	VDAC2 - voltage dependent anion channel 2	2.01E-01	1.19	122	2	2	12834	10895	30130	16952	20570	15805	19263	25023	19420	24803	16770	22278
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	2.01E-01	1.22	7121	92	87	187082041	178476506	278246885	283432005	160535991	169366759	215019743	213701476	175458477	172071149	131364792	122654084
AT1G60780.1;AT1G10730.1	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	2.02E-01	1.11	402	7	7	947688	1064825	848780	947182	987308	1063471	984291	1028762	886272	954459	809571	619665
AT5G11580.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	2.02E-01	1.08	412	8	8	449956	447694	437497	415572	422433	415109	531774	534821	468121	459981	422234	386714
AT3G61430.1;AT4G00430.1;AT4G00430.2	PIP1A, ATPIP1, PIP1, PIP1;1 - plasma membrane intrinsic protein 1A	2.02E-01	1.21	200	3	1	168825	137834	108400	88590	155999	148612	219216	203586	169497	132665	123162	133302
AT1G31885.1	NIP3;1 - NOD26-like intrinsic protein 3;1	2.03E-01	1.09	22	1	1	1325251	1182335	1477653	1707663	1519642	1522735	1413915	1558850	1802078	1675623	1586587	1457279
AT4G13300.2;AT4G13300.1	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	2.03E-01	1.48	139	4	4	59208	51909	160411	147498	121844	100802	101866	95825	94745	87628	21524	33197
AT1G72416.5	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	2.03E-01	1.34	20	1	1	119867	129389	165699	212053	101546	144353	146916	132261	157703	170975	19410	24694
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	2.04E-01	1.08	587	13	10	639674	661840	780630	857134	675771	722428	692438	771350	782237	738584	878234	806459
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	2.04E-01	1.10	1736	28	28	11110140	10850228	13422021	13437964	12286185	12697679	12397642	12105208	12636644	11951619	8865012	8981453
AT4G34430.1;AT4G34430.4	CHB3, ATSWI3D - DNA-binding family protein	2.04E-01	1.14	24	1	1	11612	9036	13028	8021	16403	14538	14371	12542	15312	12407	13647	14660

AT1G16590.1	REV7, ATREV7 - DNA-binding HORMA family protein	2.05E-01	1.29	32	1	1	49010	42037	50116	59981	39547	49395	37751	43660	62946	53712	93647	83590
AT1G11475.1	NRPB10, NRPD10, NRPE10 - RNA polymerases N / 8 kDa subunit	2.05E-01	1.40	41	1	1	18966	10736	30831	27539	26175	20559	21216	21270	25633	20481	4132	3824
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	2.05E-01	1.13	457	11	9	622772	653046	745051	818040	749982	785785	740588	804413	674243	699469	462522	481962
AT1G69030.1	BSD domain-containing protein	2.06E-01	1.52	51	2	2	17001	13992	11844	14279	17182	17974	13257	13241	18852	14749	43459	36544
AT3G55090.1	ABC-2 type transporter family protein	2.06E-01	4.23	22	1	1	7359	7752	3025	2045	5564	4970	4718	4057	5769	3270	48797	63266
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	2.06E-01	1.13	3603	59	7	1085125	986113	855640	885542	1135260	1042765	951902	876635	1152584	1145916	1436196	1214388
AT1G14040.1	EXS (ERD1/XPR1/SYG1) family protein	2.06E-01	2.82	25	1	1	6580	12358	5450	11568	12404	17049	15244	14960	7797	5742	76357	64094
AT5G48910.1	LPA66 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.06E-01	1.15	52	1	1	40313	39096	40960	51132	43848	39717	45245	45631	42054	38945	23009	26171
AT1G12850.1	Phosphoglycerate mutase family protein	2.06E-01	2.91	27	1	1	7077	9871	3034	3700	7527	7357	5944	3798	5724	8487	45318	43006
AT3G01310.1;AT5G15070.2	Phosphoglycerate mutase-like family protein	2.07E-01	1.83	465	9	3	169355	171632	109397	130387	112053	138008	114006	123135	138839	147029	534305	460049
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	2.07E-01	1.65	910	15	15	2678073	2502961	2297206	2165155	2614774	2475041	2006328	1910245	2906093	2750100	7584059	7201987
AT3G13690.1	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	2.07E-01	1.70	20	1	1	1900324	1543788	1065679	1074477	1648283	1573134	1392665	1298375	1723342	1290388	3376885	5874067
AT1G52827.1	CDT1, ATCDT1 - cadmium tolerance 1	2.07E-01	1.05	23	1	1	96179	100622	102167	96791	95506	102448	86910	100847	92773	83516	101354	100880
ATCG00430.1	PSBG - photosystem II reaction center protein G	2.08E-01	1.16	118	2	2	50187	51169	44916	51503	42115	46541	65557	65709	55435	63545	43477	39004
AT1G62840.1	Protein of unknown function (DUF1442)	2.08E-01	1.28	47	2	2	31206	33203	49107	46205	39888	27609	58210	53733	30292	26367	3258	5530
AT1G03350.1	BSD domain-containing protein	2.08E-01	1.76	318	6	6	557551	675142	418089	470470	561879	538448	408537	441361	636372	590308	1787374	1795898
AT5G16450.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	2.09E-01	1.30	23	1	1	54686	34977	83506	41744	50830	43852	70802	68605	36175	25179	15881	22362
AT1G62180.1	APR2, APSR, PRH43, PRH, ATAPR2 - 5'adenylylphosphosulfate reductase 2	2.09E-01	1.09	149	3	1	92611	131714	112714	151906	125530	113400	136496	131462	124923	138231	138940	123142
AT2G24650.1	DNA binding;DNA binding;sequence-specific DNA binding transcription factors	2.09E-01	1.86	26	1	1	34116	43087	26816	31240	28169	22866	32787	33897	23264	28046	125511	102078
AT2G19480.1	NFA02, NFA2, NAP1;2 - nucleosome assembly protein 1;2	2.09E-01	1.59	621	10	8	1320494	1190045	1068055	1059110	1048739	1064029	890528	920865	1355058	1229485	3385480	2928786
AT4G16340.1	SPK1 - guanyl-nucleotide exchange factors;GTPase binding;GTP binding	2.10E-01	1.23	99	1	1	8281	7688	11495	7734	9701	10330	11256	9521	8779	7944	4174	3097
AT3G52230.1	unknown protein	2.10E-01	1.39	147	2	2	555352	632935	428220	435835	562405	557076	452014	446538	610630	569230	1127065	1204530
AT3G19170.1;AT1G49630.1	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	2.11E-01	1.15	100	3	2	87160	90385	69269	79383	64079	60641	79118	79886	60871	68929	57373	45828
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	2.11E-01	1.39	1091	23	21	2372643	2180816	2106548	1985778	2324329	2269793	1848013	1883187	2463316	2439553	5110730	4626010
AT5G19050.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.11E-01	1.24	82	2	2	9222	16804	16401	16888	26608	18235	21426	25715	16833	14521	21666	28666
AT5G57850.1	D-aminoacid aminotransferase-like PLP-dependent enzymes superfamily protein	2.12E-01	1.29	27	1	1	11892	6233	6887	6679	8920	9321	7889	8420	8591	7742	3971	2237
AT3G14840.2	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	2.12E-01	1.18	34	1	1	30242	28858	17416	24594	29591	26768	22605	33504	22452	20006	18095	17063
AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.12E-01	1.60	577	10	10	3948954	4186088	2549758	2861122	2946714	3146110	2660333	2758336	3482945	3702997	10022554	8833490
AT3G63160.1	unknown protein	2.12E-01	1.09	194	3	3	1198941	1017567	1079158	893025	1281536	1076920	1066312	950685	1077120	835017	1023669	1035518
AT2G17380.1;AT4G35410.1	AP19 - associated protein 19	2.13E-01	1.09	153	3	3	152247	145945	108035	128365	133473	152374	165872	156998	153741	150289	139868	126674
AT4G19390.1	Uncharacterised protein family (UPF0114)	2.13E-01	1.16	21	1	1	109735	177438	148468	189139	138133	202839	154617	173683	180900	158091	245423	208416
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	2.14E-01	1.78	144	3	3	179715	171356	130194	145273	150024	192072	117618	145595	163535	191917	585019	515893
AT4G27440.1;AT5G54190.1;AT5G54190.2	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	2.14E-01	1.08	1796	27	24	5569756	5556087	6551325	6871855	6193915	6189090	6304339	6263445	5937968	5899734	5074589	4759855
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	2.15E-01	1.47	2297	39	36	9452971	9226394	6853491	7509004	8034173	8102936	6854010	6719411	9487761	8882089	21033253	19124388
AT4G33650.1	ADL2, DRP3A - dynamin-related protein 3A	2.15E-01	1.09	525	10	7	186955	231911	157055	171919	176298	173922	164575	174261	177486	168562	176471	143859
AT1G52670.1	Single hybrid motif superfamily protein	2.15E-01	1.24	33	1	1	19068	16126	29649	44101	20102	18127	22673	22907	25646	35346	31979	43578
AT5G45510.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	2.15E-01	1.24	193	5	5	147616	126821	114719	126184	128263	102726	113068	113600	138309	123893	213232	226619
AT1G08480.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; LOC	2.15E-01	1.40	40	1	1	10186	8285	6943	7214	9476	13246	8545	9117	8649	8774	505	4012
AT1G11260.1	STP1, ATSTP1 - sugar transporter 1	2.16E-01	1.24	65	1	1	11463	7948	5371	5858	7463	5781	13279	10572	7336	5874	9620	7877
AT4G20460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.17E-01	4.01	45	2	1	5365	2194	1126	371	2637	1598	1339	1784	1279	2641	27535	18674
AT3G27960.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.17E-01	1.53	24	1	1	7059	18847	6321	11202	9610	14084	11730	7000	9373	15158	497	0
AT4G00800.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	2.17E-01	2.29	118	2	2	13403	14576	13686	17203	16422	19853	11086	11702	18933	19275	95553	61481
ATCG00270.1	PSBD - photosystem II reaction center protein D	2.18E-01	1.44	169	3	3	103818	100381	33731	40004	83719	86220	170482	170829	92983	75390	56540	76536
AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	2.18E-01	1.16	1169	21	3	136084	116323	59313	83991	123615	125651	117824	127871	111582	112358	139956	136096
AT2G20050.1;AT2G20050.2	protein serine/threonine phosphatases;protein kinases;catalytics;cAMP-dependent protein kinase regulators;ATI	2.18E-01	1.16	29	1	1	8427	12711	9592	10478	9454	10378	9605	11468	10322	6776	9169	5393
AT1G47900.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	2.18E-01	2.02	176	2	2	20636	22469	12033	12338	17269	20993	9586	15719	17463	32030	69721	68943
AT5G48620.1;AT5G43470.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	2.18E-01	1.19	82	2	2	29740	26819	11208	16947	25915	26104	29209	27417	22479	26045	34834	23367
AT3G11700.1	FLA18 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 18 precursor	2.19E-01	4.92	21	1	1	2979	15638	354	5221	9090	9684	5871	2810	6620	5836	95496	94764
AT2G07050.1	CAS1 - cycloartenol synthase 1	2.19E-01	1.22	41	1	1	20258	10601	8870	4606	11097	14018	17989	14202	14224	11996	11210	14998
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	2.19E-01	1.89	916	18	17	1529106	1557467	1021883	1026632	1356462	1402114	1009324	989287	1494853	1528784	4817443	5066307
AT5G61780.1	Tudor2, AtTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	2.19E-01	1.24	164	4	3	101988	147877	81771	119356	98232	99267	98028	102181	114160	112541	196421	183515
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	2.20E-01	1.11	737	14	4	110007	104196	131412	140054	126562	118201	121383	111945	124970	116555	79994	105926
AT2G20790.1;AT2G20790.2;AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	2.20E-01	1.35	352	7	6	369489	413740	283646	361584	331898	331928	295407	305921	372043	388278	801022	667932
AT3G62770.1	AtATG18a - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.20E-01	1.14	35	1	1	43176	33863	26429	30917	29314	33141	28453	32568	34781	40069	45180	43745
AT5G16730.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	2.20E-01	1.87	103	3	2	8623	12472	13080	10881	9405	7187	7163	8881	10649	12577	34464	41630
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	2.20E-01	1.64	386	7	7	1236177	1266619	883822	910935	1235512	1356413	879896	892318	1377361	1321350	3502994	3349172
AT5G19900.1	PRLI-interacting factor, putative	2.20E-01	2.59	208	4	4	15731	19877	13678	12382	17057	18558	12063	12052	17495	17964	87044	105498
ATCG00065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	2.20E-01	1.27	49	1	1	5568	4229	9406	5620	4511	4109	5798	5216	4070	5372	2999	2903
AT3G02170.1	LNG2 - longifolia2	2.20E-01	1.30	26	1	1	40423	28851	55689	58932	44732	40674	47284	35549	57860	32357	8435	25585
AT1G20530.1	Protein of unknown function (DUF630 and DUF632)	2.21E-01	1.28	50	2	2	14455	12739	17367	16579	10545	9683	17414	19154	13253	11042	1478	1376
AT1G72040.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.21E-01	32.53	26	1	1	17	41	49	26	0	15	0	201	11	278	3631	658
AT3G15070.1	RING/U-box superfamily protein	2.21E-01	41.58	26	1	1	693	488	0	0	360	402	0	469	824	1492	38741	39225
AT1G43770.2	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	2.21E-01	1.14	31	1	1	165419	160610	224261	179078	144604	145878	195152	163534	155383	120409	114424	144993
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	2.21E-01	1.06	413	9	7	330421	317899	365609	369768	365429	400842	340846	357798	384605	388432	402767	398380
AT5G63190.1	MA3 domain-containing protein	2.22E-01	1.46	50	1	1	47049	54760	26512	29562	49011	40390	36226	35464	46890	40812	102760	98055
AT4G30810.1	UBP24 - ubiquitin-specific protease 24	2.22E-01	1.20	165	2	2	21967	28712	37611	38602	35664	43062	25919	21386	26187	32545	25808	40185
AT3G10300.5	Calcium-binding EF-hand family protein	2.22E-01	1.29	24	1	1	362565	258612	402462	317667	287931	217431	380263	283208	388643	303526	33455	46629
AT1G76810.1;AT1G76720.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	2.22E-01	2.20	122	4	3	130215	131912	119144	108813	149499	104063	81989	88324	161700	150484	616876	533485
AT2G28320.1	Pleckstrin homology (PH) and lipid-binding START domains-containing protein	2.23E-01	1.35	20	1	1	53194	61504	63453	46218	30886	26448	60460	54003	41947	44094	5839	3059
AT2G34590.1	Transketolase family protein	2.23E-01	1.13	1011	15	4	644026	678159	762307	827107	596522	709160	647160	764275	637036	675949	616650	407368
AT3G44110.1;AT3G44110.2	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	2.23E-01	1.56	1005	18	15	5729740	5911330	3872852	4359601	3717589	3863623	3331983	3608279	5513602	5694053	13136407	11673757
AT1G01100.1;AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein family	2.23E-01	1.70	501	9	6	5155123	4637672	3584381	3923269	4438772	4295750	3487218	3419379	4960740	4651648	14408966	13347390
AT4G14160.2;AT2G21630.1;AT4G14160.1;AT4G	Sec23/Sec24 protein transport family protein	2.23E-01	1.14	967	18	14	1840173	1880733	1289315	1344610	1697550	1823301	1610665	1674416	1596190	1528774	1109268	1156695
AT5G64090.1	unknown protein	2.23E-01	1.24	119	4	4	95651	113989	40795	70790	84086	125354	75346	83016	117171	114892	148635	121608
ATCG00340.1	PSAB - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	2.24E-01	1.33	248	5	5	198766	185519	92263	84984	169573	162410	306702	288411	155388	153496	136433	144670
AT5G20490.1;AT1G08730.1;AT1G54560.1	XIK, ATXIK, XI-17 - Myosin family protein with Dil domain	2.24E-01	1.25	57	2	1	29981	16106	23661	15961	24362	21187	25768	17099	23495	20701	9718	8091
AT5G24340.1	3'-5' exonuclease domain-containing protein	2.24E-01	2.67	21	1	1	5569	29656	12361	30106	10628	32227	19486	35187	6526	23420	132110	105160
AT1G19230.1	Riboflavin synthase-like superfamily protein	2.24E-01	1.12	21	1	1	74784	86362	59074	69706	78868	90821	75875	65574	60449	56281	83054	69223
AT1G23400.1	CAF2, ATCAF2 - RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	2.24E-01	1.31	23	1	1	6787	8881	8984	12621	9732	16175	13262	11790	10447	2697	7363	2774
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	2.24E-01	1.22	59	2	2	6492	9327	8586	5568	5245	5970	6278	8267	4155	6827	5090	3143
AT4G37440.1	unknown protein	2.25E-01	1.50	77	2	2	21805	18174	17191	20704	19460	22601	15319	15589	25577	22993	56536	44328
AT4G38130.1;AT4G38130.2	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 - histone deacetylase 1	2.25E-01	2.09	248	4	4	280736	299727	153464	172746	241926	231772	182111	175011	218350	278167	1093357	940703
AT2G34480.1;AT1G29965.1	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	2.25E-01	1.35	60	2	2	9476	5274	12429	7257	7599	5211	9068	9273	5439	7769	906	2446
AT1G01910.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.25E-01	1.09	96	2	2	150357	142058	114521	106737	139567	152075	147468	134751	139560	135688	168871	149844
AT3G26910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2.25E-01	1.15	22	1	1	15405	13066	7054	9899	12769	10637	2723	5990	5172	2272	30293	13181
AT2G09990.1;AT3G04230.1;AT5G18380.1;AT5G	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	2.25E-01	1.13	98	3	3	95963	72654	95293	95233	85945	100295	58225	93650	73214	59966	103183	93137
AT4G03560.1	ATTPC1, TPC1, ATCCH1, FOU2 - two-pore channel 1	2.25E-01	1.25	41	1	1	18591	16613	5243	5179	15698	16336	19628	18062	11844	13832	14397	19588
AT1G77300.2	EFS, SDG8, ASHH2, LAZ2 - histone methyltransferases(H3-K4 specific);histone methyltransferases(H3-K36 specifi	2.26E-01	1.28	21	1	1	69879	84690	44134	50957	64801	62689	60412	63654	61365	74801	144967	75764
AT5G56030.1;AT5G56030.2	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	2.26E-01	2.43	2117	39	1	22808	22212	14266	13179	19353	25449	17808	20114	12658	20787	117321	96074
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	2.26E-01	1.09	45	1	1	66125	77323	67216	63302	56721	59816	65487	67769	58371	77509	79259	77529
AT1G02130.1	ATRAB1B, ARA5, ARA-5, ATRABD2A, RABD2A, RA-5 - RAS 5	2.26E-01	1.20	178	3	1	38437	40702	24237	21745	46099	42827	48905	40471	55702	45080	30649	36017
AT4G26000.1	PEP - RNA-binding KH domain-containing protein	2.27E-01	1.18	144	3	3	67745	77917	56506	79921	54917	66425	68528	65548	64004	74063	38011	30787
AT1G79650.1;AT1G79650.3;AT1G79650.4	RAD23, RAD23B - Rad23 UV excision repair protein family	2.27E-01	1.16	144	3	2	282295	188980	202217	209771	263917	208746	240793	205027	219549	236230	332360	345458
AT5G49760.1;AT2G30730.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	2.27E-01	1.18	37	1	1	7232	8024	6358	6804	8787	11316	10260	6949	8355	8992	9015	13618
AT3G13062.1;AT3G13062.2	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	2.27E-01	1.18	55	2	2	120193	98567	109524	92248	84625	74379	107658	109594	92845	71395	49823	60946

AT1G35620.1	ATPDIL5-2, ATPDI8, PDI8, PDIL5-2 - PDI-like 5-2	2.27E-01	1.32	135	2	2	79448	70873	44152	27322	44893	50869	52959	49852	38325	37396	23584	38682
AT3G49510.1	F-box family protein	2.28E-01	4.04	27	1	1	1928	867	83	0	401	174	3053	605	734	85	207	9281
AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	2.30E-01	1.27	387	9	9	287273	302534	247600	267294	261236	279182	252389	261120	256836	286942	543109	480835
AT5G56950.1	NFA03, NFA3, NAP1;3 - nucleosome assembly protein 1;3	2.30E-01	1.65	251	5	2	200370	153531	154258	148856	139713	156312	131290	120689	184665	168324	530589	441566
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	2.32E-01	1.09	921	16	15	1123430	1125354	1386606	1486535	1350406	1454153	1297162	1264961	1234389	1327640	1129544	1031028
AT4G21180.1	ATERDJ2B - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	2.32E-01	2.41	28	1	1	36347	31911	13672	31498	22900	19307	17138	20548	27098	28659	138084	143913
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.32E-01	1.33	128	3	3	73064	68703	181695	146991	78739	90209	80818	78600	72433	81010	94783	74142
AT5G48790.1	Domain of unknown function (DUF1995)	2.32E-01	1.16	55	1	1	49434	41030	36849	32151	51918	44219	60691	57751	52649	43767	33949	47986
AT5G20290.1;AT5G59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	2.32E-01	1.36	41	2	2	5837	4824	10970	7610	2734	2850	6060	4014	7603	6635	13712	9205
AT1G36730.1	Translation initiation factor IF2/IF5	2.32E-01	1.26	55	2	1	17091	17178	15001	14828	15006	13243	13903	13325	15653	17345	25068	31447
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	2.33E-01	1.38	311	8	8	296018	280490	232066	224571	238340	237465	198679	218940	276789	284076	608415	500373
AT1G22520.2	Domain of unknown function (DUF543)	2.33E-01	1.25	25	1	1	89488	78464	42384	38427	84789	87769	122101	115874	77089	74051	70571	64933
AT3G56410.2	Protein of unknown function (DUF3133)	2.33E-01	1.16	171	3	3	35169	37100	27731	31500	33422	33540	19490	10301	11438	13113	58508	58955
AT1G59640.2	ZCW32, BPE, BPEp - BIG PETAL P	2.33E-01	1.34	22	1	1	14618	12067	11238	12443	17554	14678	11084	11814	12586	12440	1003	12583
AT5G40450.1	unknown protein	2.33E-01	1.88	9725	168	162	45012814	43568371	27087339	26549336	34567968	35246949	27523333	28134998	36833243	37899277	137917823	130503401
AT5G60010.1	ferric reductase-like transmembrane component family protein	2.34E-01	1.66	29	1	1	85313	94156	37544	26499	105533	93027	54945	62390	88866	72626	213292	243462
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	2.34E-01	1.39	840	15	15	2681010	2770049	2671416	2758468	2924487	2902169	2383436	2231083	3062213	3050798	6199568	6366497
AT1G11710.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.34E-01	1.16	34	1	1	73048	38439	75810	49552	68146	54368	80725	53751	74078	57683	69432	80737
AT1G67360.1	Rubber elongation factor protein (REF)	2.35E-01	1.20	82	2	2	43620	36878	41499	33251	45128	43681	42162	33171	43670	41911	64169	67444
AT5G67150.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	2.35E-01	8.61	23	1	1	15715	14325	19793	30596	568423	596631	17549	26822	28168	27669	21908	22523
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	2.36E-01	1.09	1335	20	19	6732336	6842086	4824913	5416254	5861981	6184830	5864037	5835733	5426603	5203450	5734239	4949977
AT3G46060.1;AT3G09900.1	ARA3, ARA-3, ATRABE1C, ATRABBA, RABBA - RAB GTPase homolog 8A	2.36E-01	1.20	265	5	2	40036	46023	33071	35782	38201	55244	44864	44078	40940	38273	20297	18580
AT4G37050.1	PLP4, PLA V, AtPLAIVC - PATATIN-like protein 4	2.36E-01	1.20	24	1	1	25674	21219	23078	16657	26655	20181	21989	17711	37057	33779	25794	24335
AT5G16820.1	HSF3, HSFA1B, ATHSFA1B, ATHSF3 - heat shock factor 3	2.36E-01	1.36	39	1	1	7085	3906	4446	2195	2497	4231	2546	1477	2220	4286	2042	5357
AT2G01720.1	Ribophorin I	2.36E-01	1.15	63	1	1	81233	75626	51997	57198	90377	86354	63010	70785	67826	60212	54836	66710
AT2G29290.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.36E-01	1.33	70	1	1	6867	13674	7654	4440	6535	8443	15251	14664	8869	10893	8676	5091
AT5G15400.1	U-box domain-containing protein	2.36E-01	1.11	380	7	7	273163	272544	199651	199863	263065	256476	232884	234998	247508	227918	193141	188106
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	2.37E-01	1.89	1114	19	16	9152270	9594341	7420865	7311278	9629539	9098794	6694753	6845076	9358595	9281626	34551142	32143299
AT3G13490.1	OVA5, ATKRS-2 - Lysyl-tRNA synthetase, class II	2.37E-01	1.18	66	1	1	13342	9808	7818	8344	7027	11935	8058	10416	10521	10895	14190	14791
AT3G24860.1	Homeodomain-like superfamily protein	2.37E-01	1.42	38	1	1	7244	7970	3927	4579	2930	10502	5021	1663	3943	1665	5645	8245
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	2.38E-01	1.11	194	5	5	378782	331637	415505	420232	297807	293208	329495	327996	360154	329136	304643	280534
AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	2.38E-01	1.68	231	6	5	469192	451566	366875	392175	428150	446155	335962	329272	472333	470860	1452827	1220603
AT2G45600.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.38E-01	1.78	31	1	1	148033	113546	105140	88990	94017	83084	80311	85023	125048	107171	439000	287279
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	2.38E-01	1.80	1072	21	1	353636	393373	206920	256374	295659	344889	236686	234174	326815	354988	1115819	1067565
AT5G07340.1	Calreticulin family protein	2.38E-01	2.08	422	10	3	15977	16674	9153	12256	16422	17024	11201	9729	15770	17734	61019	66572
AT4G03120.1	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	2.39E-01	1.22	131	2	2	47725	56184	26925	41704	47283	53208	10372	10517	25531	31514	77033	68486
AT5G28020.1	CYSD2, ATCYSD2 - cysteine synthase D2	2.39E-01	1.26	38	1	1	6004	5955	9085	6831	6804	9600	9057	9307	5220	5803	4418	1428
AT1G47970.1	unknown protein	2.39E-01	1.91	28	1	1	5651	6150	5513	4993	7651	6817	4311	4395	7933	9708	10809	32910
AT5G39570.1	unknown protein	2.39E-01	1.68	1094	15	15	9817970	9587213	8671187	7000481	9296568	8672983	7545607	7106198	8366138	9854029	27157165	28972241
AT3G06510.2;AT3G06510.1	SFR2 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	2.39E-01	1.24	90	2	2	13399	10768	7155	5957	15161	14005	16755	15816	9628	9928	12023	18524
AT4G00100.1;AT3G60770.1	ATRPS13A, RPS13, PFL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	2.40E-01	1.31	92	2	2	16532	14172	12993	16124	13271	15645	13902	13636	12977	16200	30741	28836
AT5G44680.1	DNA glycosylase superfamily protein	2.40E-01	1.23	59	2	1	6581	7356	9518	12837	7700	6946	9301	10356	8418	12121	452	667
AT5G17020.1;AT3G03110.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	2.41E-01	1.14	871	14	14	720060	728061	357139	358959	619441	627028	610351	618469	650679	636928	682796	680325
AT1G76860.1;AT1G21190.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	2.41E-01	1.13	107	3	3	169501	209052	191410	241183	219187	282178	193168	213665	245261	252561	296745	276664
AT3G22480.1	PDF2 - prefoldin 2	2.41E-01	1.20	22	1	1	8276	6558	8005	10839	12740	7323	7094	10840	7474	8760	5047	5386
AT3G50370.1	unknown protein	2.43E-01	1.63	176	5	4	172718	167090	131044	134823	153995	153875	134053	124139	151858	153312	511736	418227
AT2G33540.1	CPL3, ATCPL3 - C-terminal domain phosphatase-like 3	2.43E-01	1.16	69	1	1	101643	136972	99071	96990	120559	102886	59842	66565	83529	78722	107763	171623
AT3G05070.1	unknown protein	2.44E-01	1.68	64	1	1	8037	9416	6480	6178	7867	5005	4782	4476	10353	10617	21020	21141
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	2.44E-01	1.33	651	9	8	1284920	1181350	1143534	1006675	1294061	1286870	1021429	980505	1336510	1294603	2425208	2546997
AT3G48690.1	ATCXE12, CXE12 - alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.44E-01	1.21	31	1	1	14590	10403	14683	11983	11948	9842	20459	17938	12427	11242	9937	16948
AT3G54760.1;AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-related	2.44E-01	2.29	1230	20	20	1152353	1100364	634712	661816	909664	893859	665330	664033	968333	882912	4712723	4339854
AT3G01015.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	2.44E-01	1.13	31	1	1	337947	325577	402815	414696	387645	433688	432816	386864	356171	378372	235156	255535
AT3G06483.1	PDK, ATPDHK - pyruvate dehydrogenase kinase	2.45E-01	1.13	190	5	5	100111	116419	156711	182012	146116	146598	163236	168656	163366	179260	160780	119690
AT5G51660.1	CPSF160, ATCPSF160 - cleavage and polyadenylation specificity factor 160	2.46E-01	1.15	29	1	1	628	1702	1713	898	1826	2353	3012	3168	1804	2459	0	0
AT3G23920.1	BAM1, BMY7, TR-BAMY - beta-amylase 1	2.46E-01	1.09	414	8	7	338054	399425	271054	311063	368526	397368	371335	381106	339451	359249	445256	370116
AT2G35880.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	2.46E-01	1.72	110	3	3	22228	25633	19523	14264	15713	10983	19322	11476	15972	22628	47254	69921
AT2G42470.1	TRAF-like family protein	2.47E-01	1.29	23	1	1	1906	6091	7210	9791	5299	6824	7536	9929	5097	5932	186	203
AT2G33440.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.47E-01	1.57	32	1	1	6994	8903	6700	5631	6487	7630	6697	5136	7261	7482	17198	22700
AT1G31780.1	unknown protein	2.47E-01	1.17	56	2	2	39087	40625	27127	38067	45027	47225	39935	44018	32988	40558	22758	21827
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.48E-01	1.44	408	12	10	293926	303361	193189	240699	238067	231682	200753	218313	264228	262696	623165	593727
AT3G02260.1	BIG, DOC1, TIR3, UMB1, ASA1, LPR1, CRM1 - auxin transport protein (BIG)	2.48E-01	1.22	584	13	12	302228	326368	140839	137762	246890	228952	232246	225805	237525	235846	371958	378023
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	2.48E-01	1.59	2509	42	41	17494067	17406041	12580340	13332493	13618817	14743410	11676871	11963538	16043530	16009687	44420355	41259300
AT4G09300.1	LisH and RanBPM domains containing protein	2.48E-01	4.29	23	1	1	7714	8552	6369	13725	5037	7715	6274	5862	6211	7992	91903	92373
ATCG00740.1	RPOA - RNA polymerase subunit alpha	2.48E-01	5.01	20	1	1	11889	17934	4645	11309	6593	7177	3540	6631	13731	11942	143962	118344
AT5G22580.1	Stress responsive A/B Barrel Domain	2.49E-01	8.42	31	1	1	514	440	0	909	0	1395	0	2145	3494	1864	12847	7073
AT4G34390.1	XLG2 - extra-large GTP-binding protein 2	2.50E-01	1.18	58	1	1	9185	18624	15167	13686	11706	12293	2633	1863	6854	10948	25063	20978
AT2G13900.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	2.50E-01	1.36	22	1	1	19895	13662	22479	15439	25230	28479	39284	39510	19838	37034	19687	14450
AT2G32260.1	ATCCT1, CCT1 - phosphorylcholine cytidylyltransferase	2.50E-01	1.68	144	3	3	170799	155950	126945	114586	115969	123233	114084	104798	132518	143712	455863	403950
AT3G22950.1	ATARFC1, ARFC1 - ADP-ribosylation factor C1	2.50E-01	1.18	21	1	1	3552	1877	1146	1545	2673	3617	3089	3197	2641	2347	3255	2465
AT1G08800.1	Protein of unknown function, DUF593	2.50E-01	2.30	50	1	1	6436	8274	5016	7658	6758	4549	3293	5596	6470	9453	32236	31872
AT4G16155.1;AT3G16950.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	2.50E-01	1.04	315	7	7	155036	158820	175471	179445	149715	160956	170029	160835	174673	174610	178316	161216
AT1G65930.1;AT1G54340.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	2.51E-01	1.09	195	5	5	87599	86753	124364	105926	93466	96001	89742	89336	85685	84301	96693	101347
AT1G50620.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	2.51E-01	2.93	145	2	2	14080	12749	10249	12837	12451	15106	12910	12159	11387	8228	84512	98149
AT2G27730.1	copper ion binding	2.51E-01	1.25	67	1	1	14097	18144	10348	10032	8998	12894	14362	15455	14900	11384	1604	1778
AT5G57655.2	xylose isomerase family protein	2.52E-01	1.27	62	1	1	6958	7481	14021	13069	10063	9702	12803	8974	6639	7754	9605	2472
AT3G59290.1	ENTH/VHS family protein	2.52E-01	3.45	102	2	1	7986	28223	9685	4631	17168	11834	7595	3775	20081	27517	128083	87664
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	2.52E-01	1.26	99	2	2	9229	10099	14724	15300	7473	7482	9699	7966	11530	11161	4783	6003
AT1G64330.1	myosin heavy chain-related	2.53E-01	1.79	287	8	8	198074	159587	126143	132427	167088	144769	123968	127236	151748	156654	535367	566563
AT3G14310.1	ATPME3, PME3 - pectin methylesterase 3	2.53E-01	1.22	25	1	1	10539	4462	14822	9012	9153	7672	12403	12488	10575	9353	495	210
AT2G47500.1	P-loop nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein with CH (Calponin Homology) domain	2.53E-01	1.25	24	1	1	13766	9744	10048	7642	5941	8272	3873	3586	6363	9362	10676	10514
AT3G11820.2	SYP121, AT-SYR1, ATSYP121, SYR1, ATSYR1, PEN1 - syntaxin of plants 121	2.53E-01	1.23	64	1	1	27689	27447	14201	13462	30111	28269	25788	23488	22232	23404	43417	35662
AT4G05490.1	RNI-like superfamily protein	2.53E-01	1.23	23	1	1	638202	364413	735941	628522	419408	394923	499882	559788	445945	440387	369615	277363
AT5G42270.1;AT1G50250.1	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	2.54E-01	1.10	177	3	3	71076	72247	81068	100800	73504	80498	92240	98681	93830	91794	79517	69181
AT4G38760.1	Protein of unknown function (DUF3414)	2.54E-01	1.14	45	2	1	40532	29317	39025	37974	33223	32830	44483	43368	26556	40121	46440	40878
AT2G20950.4;AT2G20950.1;AT2G20950.3	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	2.54E-01	2.26	63	1	1	17952	9060	3074	5730	11677	12415	11344	8224	5288	10307	58488	41532
AT4G17610.1	tRNA/rRNA methyltransferase (SpoU) family protein	2.54E-01	1.29	22	1	1	3304	2200	3677	3971	5953	5291	2068	1419	3049	2725	4097	5610
AT3G63490.1;AT3G63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.54E-01	1.10	293	4	4	294178	318063	422682	504374	361939	363688	357217	426038	419381	407618	482218	399126
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.55E-01	1.31	313	7	7	452806	409313	296764	309052	351678	324228	303193	306320	389794	372316	757791	688732
AT5G08530.1	CI51 - 51 kDa subunit of complex I	2.55E-01	1.08	251	8	7	159561	165011	169221	180057	159499	176314	181169	183702	149921	164205	138466	113300
AT3G49020.1	FBD, F-box and Leucine Rich Repeat domains containing protein	2.55E-01	2.14	20	1	1	1621	1392	858	1074	2787	908	1364	428	2550	2558	5972	5589
AT1G67230.1	LINC1 - little nuclei1	2.56E-01	6.38	144	2	1	2207	3799	1540	2720	3094	1314	1114	1891	2898	1933	41236	44476
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	2.56E-01	1.59	519	10	10	1325613	1439609	1000679	1066352	1459768	1541274	976672	1069682	1426923	1401991	3667511	3937112
AT5G42790.1	PAF1, ATPSM30, ARS5 - proteasome alpha subunit F1	2.56E-01	1.40	236	3	2	727416	728814	498503	569130	577394	659020	507382	549811	650824	655994	1460975	1446935
AT3G09090.1	DEX1 - defective in exine formation protein (DEX1)	2.56E-01	1.16	63	2	1	53673	58908	41078	29762	50523	56199	58753	39131	52727	54895	63965	66290
AT5G46800.1	BOU - Mitochondrial substrate carrier family protein	2.57E-01	1.15	395	7	7	226040	277704	238366	260646	305688	331977	286123	318962	251101	255195	159639	160964

AT2G01250.1	Ribosomal protein L30/L7 family protein	2.57E-01	1.16	107	3	2	72467	77199	75863	55900	83742	71239	70376	76164	71926	66830	105886	113393
AT4G13090.1	XTH2 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 2	2.57E-01	1.10	28	1	1	84959	106875	90827	93985	100596	126002	94533	90538	92514	99010	71478	101021
AT3G60910.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.58E-01	1.38	28	1	1	4410	5779	3795	6675	4033	6539	8286	3824	4899	4906	796	0
AT1G03760.1	Prefoldin chaperone subunit family protein	2.58E-01	2.02	152	5	4	65594	49373	33252	34824	54601	54284	37533	32289	49565	57123	205392	207291
AT4G00130.1	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	2.58E-01	1.33	24	1	1	118058	200921	128650	141541	131805	195608	139765	199425	117508	147030	339891	272821
AT2G21270.1	UFD1 - ubiquitin fusion degradation 1	2.59E-01	1.20	72	2	2	30955	22408	43049	43543	23506	27282	27569	30723	29281	23502	21883	25722
AT4G10840.1;AT4G10840.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.59E-01	1.08	422	7	7	428793	441393	414157	388846	434088	489713	461074	443323	417059	404093	552697	521420
AT1G11720.2;AT1G11720.1	SS3 - starch synthase 3	2.59E-01	1.06	1046	26	24	1473406	1300346	1613139	1556325	1531065	1598007	1500195	1485277	1703627	1468624	1734300	1685457
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	2.59E-01	1.07	657	11	11	4838837	5054137	5420868	6202955	4911123	4904664	5520286	5939744	4932709	5118208	6504595	5519161
AT1G50575.1	Putative lysine decarboxylase family protein	2.59E-01	1.26	45	1	1	4166	4758	5675	7498	8774	6226	768	7264	7678	7279	1526	4928
ATCG00190.1	RPOB - RNA polymerase subunit beta	2.59E-01	1.12	31	1	1	16273	14395	20224	13871	25713	17707	25253	19655	21933	18217	17449	18961
AT4G27640.1	ARM repeat superfamily protein	2.60E-01	1.13	74	2	2	25751	17498	10930	14886	18463	18159	19155	18611	20846	16446	21195	23277
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	2.61E-01	1.13	112	3	3	177564	204441	165636	188273	149804	158591	124032	139150	106750	130538	227954	196620
AT3G01860.1	unknown protein	2.62E-01	2.19	20	1	1	34018	38125	21533	25704	29976	25804	18573	15775	44969	37580	140920	126578
AT5G32470.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	2.62E-01	1.17	47	2	2	41851	69898	58633	77334	56680	58745	49804	64462	66447	58203	34829	36798
AT3G13120.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	2.63E-01	1.11	24	1	1	34812	26541	57216	46234	43659	46875	47757	50111	47490	48400	48974	41592
AT1G76110.1	HMG (high mobility group) box protein with ARID/BRIGHT DNA-binding domain	2.63E-01	2.53	22	1	1	6575	15553	14598	8043	17034	19067	5248	10380	19419	18547	69366	81491
AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.63E-01	6.56	65	2	2	6118	2997	4759	1557	8947	5994	2610	3567	4628	3716	90463	94408
AT5G59750.2	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	2.63E-01	1.11	262	7	6	80073	74687	131841	112688	74185	77217	102055	109448	103022	106825	101036	87080
AT4G21160.1	ZAC, AGD12 - Calcium-dependent ARF-type GTPase activating protein family	2.64E-01	1.29	27	1	1	9077	13675	8577	17473	8675	7585	13132	10056	9110	8129	7329	2733
AT4G23600.1	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	2.64E-01	1.41	29	1	1	2046	3267	4551	5027	2780	4750	2673	4875	3882	3822	632	0
AT3G50590.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.64E-01	1.08	134	4	3	61024	55182	51322	52729	63548	63369	58959	55343	70697	69502	69422	52637
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	2.64E-01	1.41	143	2	1	88453	85681	66602	61696	64126	54663	57827	56848	68473	86281	185212	138292
AT3G02870.2	VTC4 - Inositol monophosphatase family protein	2.65E-01	1.20	29	1	1	30276	22947	29237	26167	34269	30748	29642	24072	29441	29781	44025	50862
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	2.66E-01	1.10	49	1	1	117258	132054	107371	120900	133149	143062	104468	99983	94330	96765	148227	141256
AT3G55110.1	ABC-2 type transporter family protein	2.66E-01	1.24	36	1	1	18301	15496	31167	23786	13323	13022	29901	25399	17612	14789	2463	2349
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	2.67E-01	1.08	636	11	11	478272	508324	393253	453401	447272	489355	490413	525433	443884	432868	594636	492258
AT5G63550.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	2.67E-01	2.84	55	2	1	2394	3374	1324	2248	2615	2069	973	2053	2502	3854	8402	22108
AT2G16640.1	ATTOC132, TOC132 - multimeric translocon complex in the outer envelope membrane 132	2.67E-01	1.94	54	1	1	12547	8706	14856	12773	3993	7587	4905	9648	19157	9697	21161	53021
AT1G18450.1;AT1G73910.1	ATARP4, ARP4 - actin-related protein 4	2.68E-01	1.74	123	2	2	70558	55018	44750	43974	66057	53372	43068	36940	65625	62064	206710	167080
AT4G14350.1	AGC (cAMP-dependent, cGMP-dependent and protein kinase C) kinase family protein	2.68E-01	1.16	45	2	1	565103	675456	543006	612729	685415	771375	562042	663651	639613	661676	1091823	860939
AT5G01760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	2.68E-01	1.21	23	1	1	32883	39051	59196	87422	61048	113652	106956	117630	42546	49194	5508	3272
AT3G52840.1	BGAL2 - beta-galactosidase 2	2.68E-01	1.12	269	4	4	127894	119956	116761	127933	113231	144088	142931	139429	116195	119731	73536	76518
AT3G10405.1	unknown protein	2.69E-01	1.86	55	2	2	2276	552	2033	550	907	1715	1115	520	1935	2080	3341	5942
AT1G04750.2;AT2G33110.1	VAMP7B, VAMP721, ATVAMP721, AT VAMP7B - vesicle-associated membrane protein 721	2.69E-01	1.11	199	3	3	173987	146969	99659	92999	152366	176456	165760	167800	139735	150998	162910	151861
AT3G05420.1;AT3G05420.2;AT5G13340.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	2.70E-01	1.13	2217	35	32	2936439	2835238	2842563	2962195	2702185	2689984	2476264	2409843	3289083	3229676	4071959	3625292
AT1G54490.1	AIN1, EIN5, XRN4, ATXRN4 - exoribonuclease 4	2.70E-01	1.25	34	1	1	8690	6321	7906	7037	14092	12684	4827	9995	10024	10030	5672	4819
AT5G61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	2.70E-01	1.06	429	8	8	2228873	2360289	2275923	2548026	2435829	2709777	2439538	2546802	2300817	2352487	2212117	1837608
AT3G52140.1;AT3G52140.2;AT3G52140.4	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	2.72E-01	1.12	208	4	4	118307	141585	90712	95162	102437	111137	91678	83254	105119	104762	125767	79651
AT2G34560.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.72E-01	1.28	118	2	1	3350	1956	2526	3223	2020	2203	2682	3275	2652	3036	0	334
AT4G08350.1	GTA02, GTA2 - global transcription factor group A2	2.73E-01	2.03	236	5	5	118831	143979	80496	79460	110208	116067	67850	76382	115179	137216	474320	448938
AT5G52310.1;AT5G52300.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 2	2.73E-01	1.58	5412	74	74	121601139	123814124	83811686	89009668	93526695	95542270	78714010	78901916	106679757	107311037	310224242	280177750
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	2.74E-01	1.09	124	3	3	165311	130350	158224	136394	148421	150104	166831	156285	135722	130145	102033	126837
AT5G63910.1	FCLY - farnesylcysteine lyase	2.74E-01	1.16	58	1	1	25693	18803	11317	14215	21574	26764	23967	18958	20953	18611	28721	26111
AT3G20720.2;AT3G20720.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; INVOLVED IN: biological_process unknown; EXP	2.74E-01	1.22	81	3	3	45634	30258	18120	20489	27121	27030	24008	22727	20430	21494	21450	27756
AT1G32970.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	2.74E-01	1.39	22	1	1	29596	9147	10952	11269	14137	8042	6011	12609	9209	7221	9849	15003
AT1G55860.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	2.75E-01	1.21	1695	33	18	1985232	2087887	1719009	1878443	1896990	1948670	1628267	1749602	2026504	1948155	3327762	3270254
AT2G42490.1	Copper amine oxidase family protein	2.75E-01	1.10	323	7	7	400595	361450	528930	529639	450618	445084	465040	434376	449048	423679	357213	336171
AT3G49800.1	BSD domain-containing protein	2.76E-01	1.65	163	4	2	245716	266696	183012	151391	192638	226222	181350	165792	195378	213736	694393	638489
AT4G35380.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	2.76E-01	1.26	44	2	2	26289	18705	39427	27393	29560	27387	22348	21804	49988	46595	36103	34980
AT3G51310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	2.76E-01	1.13	178	3	2	69435	68156	27772	36465	53102	56741	65155	63597	55677	55482	58208	55427
AT5G58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	2.76E-01	1.34	236	6	5	398745	465932	261701	334122	317936	321083	275608	291577	384900	382027	785584	702879
AT5G57010.1	calmodulin-binding family protein	2.77E-01	1.11	25	1	1	105649	130960	115172	134873	87151	99097	87009	106745	107004	114450	90967	102700
AT3G58250.1	TRAF-like family protein	2.77E-01	1.68	22	1	1	22081	26497	16499	26998	16480	22844	16718	20186	23711	18183	64654	77561
AT5G14800.1	P5CR, AT-P5R, AT-P5C1, EMB2772 - pyrroline-5- carboxylate (P5C) reductase	2.77E-01	1.20	24	1	1	5531	8214	6737	7891	6887	3974	7514	6742	5698	5516	3373	3836
AT3G13200.1	EMB2769 - Cwf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	2.77E-01	1.55	129	3	3	220301	140079	129330	113131	144459	163019	124347	124141	129172	178832	414514	440574
AT1G22760.1	PAB3 - poly(A) binding protein 3	2.78E-01	2.02	21	1	1	44672	42783	36637	27292	36894	33498	24546	27026	40741	41213	188500	126137
AT3G02880.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	2.78E-01	1.36	34	1	1	5232	7672	12404	5630	15897	11808	8972	12804	8385	6704	1951	4308
AT1G26460.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.79E-01	1.10	97	3	3	140178	138920	110998	108687	149681	136020	135117	131710	123379	127529	93061	105128
AT1G77440.1	PBC2 - 20S proteasome beta subunit C2	2.79E-01	1.15	178	4	1	29767	35129	33318	33132	33288	35164	35992	39622	31079	32109	11853	22800
AT3G02830.1	ZFN1 - zinc finger protein 1	2.80E-01	1.21	164	4	4	171959	157788	147015	134080	181168	161115	133308	133776	166890	186673	263159	270031
AT4G26510.1;AT1G55810.1	UKL4 - uridine kinase-like 4	2.80E-01	1.09	222	6	5	121390	123718	107163	103960	114863	109550	123099	111965	123694	104409	88056	71199
AT1G24610.1	Rubisco methyltransferase family protein	2.80E-01	1.16	125	3	3	47351	37299	59929	63432	42011	45423	29084	31141	43826	43454	62192	45412
AT1G14650.1;AT1G14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	2.80E-01	1.48	389	10	10	628171	626275	447991	468453	520077	583757	440602	437146	564121	567522	1437129	1398524
AT5G19350.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.81E-01	1.10	174	4	4	195697	171514	296551	254225	250735	237344	283296	234627	248908	223583	254041	303525
AT2G26290.1	Protein of unknown function (DUF626)	2.81E-01	1.55	23	1	1	170845	179079	147212	140008	146384	127052	140024	107821	162116	151287	503039	346940
AT5G14050.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.81E-01	1.10	27	1	1	186464	214085	155474	158437	178575	183527	171145	163169	190975	181870	159525	108627
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	2.81E-01	1.54	427	7	7	2034921	2275799	2098089	2113480	2094120	2110481	1546560	1610704	2474276	2308750	6191891	5516940
AT1G15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	2.81E-01	1.30	82	1	1	141816	184430	161491	218345	152290	180637	142069	165978	167277	196996	425941	253491
AT4G11260.1	ATSGT1B, ETA3, RPR1, EDM1, SGT1B - phosphatase-related	2.82E-01	1.18	47	1	1	61180	57784	84708	74937	66756	69682	73101	76345	72727	76667	24046	30246
AT1G78380.1	ATGSTU19, GST8, GSTU19 - glutathione S-transferase TAU 19	2.82E-01	1.09	29	1	1	40054	38296	48021	47754	40745	45290	57409	48434	50718	45820	46395	35967
AT2G17410.1	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	2.82E-01	1.83	629	13	12	453064	488860	291591	324022	399140	372568	314540	280693	402770	370642	1421815	1483360
AT4G37930.1;AT5G26780.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	2.83E-01	1.27	358	9	9	124437	112507	240785	220550	126676	99127	157405	141755	130893	121870	75407	97453
AT1G62020.1	Coatomer, alpha subunit	2.83E-01	1.27	929	22	9	1730231	1962145	961018	1104837	1400969	1517718	1241113	1292253	1447564	1555586	2750287	2691147
AT5G62190.1	PRH75 - DEAD box RNA helicase (PRH75)	2.84E-01	1.46	32	1	1	32682	29092	31819	30454	27882	35157	27936	29140	25143	31678	84020	75194
AT3G60020.1	ASK5, SK5 - SKP1-like 5	2.84E-01	1.68	30	1	1	11200	3588	2673	0	5612	2926	2576	2222	6188	5620	12669	14399
AT3G19240.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	2.84E-01	2.25	147	2	2	91886	66993	50322	36118	77088	74155	40808	40690	78884	75676	323529	331002
AT3G01290.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	2.84E-01	1.10	112	2	2	95296	100131	83054	70698	95808	79117	105990	77499	85357	75208	65147	66137
AT5G50950.1;AT2G47510.1;AT5G50950.2;AT5G	FUM2 - FUMARASE 2	2.84E-01	1.14	245	4	3	261677	266655	352103	372002	274761	272397	299021	298544	317291	315003	186865	159933
AT1G66240.1	ATX1, ATATX1 - homolog of anti-oxidant 1	2.84E-01	1.24	26	1	1	12106	5725	13604	10274	12259	9544	13426	10661	9536	8846	4206	4750
AT1G73450.1	Protein kinase superfamily protein	2.84E-01	1.45	115	3	1	7196	7435	2876	1441	3573	6563	3757	3745	4099	7069	12795	10567
AT2G22450.1	riboflavin biosynthesis protein, putative	2.84E-01	1.26	120	3	2	27247	33268	53647	48430	21675	27557	36456	31857	24752	31601	26383	17213
AT2G19830.1;AT4G29160.1	SNF7.2, VPS32 - SNF7 family protein	2.85E-01	1.48	81	2	2	254736	218797	186117	175582	192223	214150	184799	168673	192359	206162	576893	508985
AT5G52240.1	MSBP1, ATMP1, AtMAPR5 - membrane steroid binding protein 1	2.85E-01	1.22	60	1	1	19480	23015	14598	22166	27335	37425	18873	25517	16304	16707	19781	21246
AT3G04490.1	unknown protein	2.85E-01	1.59	76	2	1	6009	5146	2222	951	2626	4553	2974	1451	4406	3474	0	1227
AT5G58250.1	unknown protein	2.85E-01	1.06	175	3	3	385054	362784	340380	421500	355476	347629	431728	393594	401187	413090	342077	357125
AT3G05530.1;AT1G09100.1	RPT5A, AT5A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	2.85E-01	1.16	498	11	10	515597	462425	854407	807950	593994	529555	616983	607580	566781	523550	469828	451048
AT5G56380.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	2.85E-01	1.37	21	1	1	9510	2841	7934	9972	4623	8154	7046	3946	5704	4250	2548	7842
AT1G66700.1	PXMT1 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.86E-01	1.46	21	1	1	3350	6302	2994	6442	3049	4333	3842	4428	4500	3355	10241	12214
AT5G61500.1	ATATG3, ATG3 - autophagy 3 (APG3)	2.87E-01	1.90	107	3	3	65363	63354	31416	30881	44987	36308	29477	34338	47419	47806	178291	180220
AT4G13190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.87E-01	1.13	53	1	1	7360	5282	3803	5135	6640	5708	5135	8143	6473	7102	6439	5190
AT4G30190.1	AHA2, PMA2, HA2 - H(+)-ATPase 2	2.87E-01	1.15	738	15	2	117526	130709	72787	79417	121851	121089	153782	147179	133178	99705	92446	115755
AT5G57610.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	2.87E-01	1.88	51	2	1	11323	8627	3836	5073	6631	5085	4696	4194	7258	8640	32566	18736
AT4G38800.1	ATMTN1, ATMTAN1, MTN1, MTAN1 - methylthioadenosine nucleosidase 1	2.89E-01	1.10	58	1	1	62211	62626	90566	59619	66090	58974	66853	60213	63495	50520	57008	65732
AT5G22950.1	VPS24.1 - SNF7 family protein	2.89E-01	1.15	55	1	1	83297	82983	61099	65738	62553	58234	37929	37072	53669	55023	92906	83775

AT2G17840.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	2.91E-01	1.85	107	2	2	18506	13371	5235	7581	12919	10185	9468	8887	8315	12314	52632	34012
AT5G11560.1	catalytics	2.91E-01	1.26	163	3	3	53346	46450	30232	29500	67057	65631	55296	50911	40326	37378	22945	24295
AT1G06070.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	2.91E-01	1.62	203	3	3	114744	98113	78241	68724	80213	87202	81609	61105	81033	91885	274244	266459
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	2.91E-01	1.15	110	2	2	32718	32402	43650	55737	43169	46629	37698	45553	42966	34580	36840	23081
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	2.91E-01	1.09	68	2	2	53395	57526	63020	65973	53555	57059	65886	56590	61662	55749	41236	39492
AT3G48500.1	PDE312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.92E-01	1.41	882	15	14	2063752	2208233	1747364	2016798	1960374	2008074	1577922	1642067	2183569	2021842	5143233	4305511
AT4G26450.1	unknown protein; Has 614 Blast hits to 492 proteins in 137 species: Archae - 0; Bacteria - 94; Metazoa - 255; Fu	2.92E-01	1.83	161	4	3	11950	12373	8838	8989	9900	11139	6238	7575	12455	13166	35132	41143
AT1G51980.2;AT1G51980.1;AT3G16480.1	Insulinase (Peptidase family M16) protein	2.92E-01	1.08	494	10	10	558412	526832	724339	703393	621865	643807	681766	633121	562309	561395	532071	535093
AT2G11000.1	ATMAK10, MAK10 - MAK10 homologue	2.92E-01	1.20	43	2	1	59626	45534	88779	86693	67873	67578	80897	92361	79957	66675	12294	13953
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	2.92E-01	1.58	419	8	5	3018468	2864277	2146555	2478336	2788885	2683558	2064203	1969112	2797918	2861247	7642391	7906613
ATCG01090.1	NDHI - NADPH dehydrogenases	2.93E-01	1.10	92	2	2	85938	76652	64020	77212	74829	74448	85738	94440	68489	65091	97644	86986
AT1G74910.3	ADP-glucose pyrophosphorylase family protein	2.94E-01	1.24	163	4	1	5262	4344	4086	3253	7778	5216	9518	7557	4916	6000	3615	5430
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	2.94E-01	1.05	1114	16	6	779822	806089	756363	774173	808114	861088	897455	892758	872400	841440	809261	707028
AT5G53620.1	unknown protein	2.95E-01	1.19	273	6	6	48199	52888	108752	112435	55745	52516	63747	68172	70109	81967	124856	105465
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.95E-01	1.06	812	11	10	3783197	4084811	4755638	5379673	4331082	4495466	4487144	4487242	5157327	5156874	4805918	4394956
AT5G44240.1;AT5G44240.2	ALA2 - aminophospholipid ATPase 2	2.95E-01	1.39	31	1	1	6743	4800	5625	8213	4410	1746	2831	5193	1892	1770	6026	4932
AT1G45145.1	ATTRX5, ATHS, LIV1, TRX5 - thioredoxin H-type 5	2.96E-01	1.19	40	1	1	20213	22507	23464	27103	20242	28538	26999	26084	22391	19565	18856	5372
AT1G79830.1	GC5 - golgin candidate 5	2.96E-01	1.49	445	8	8	455331	438089	356669	335854	324298	339880	312124	309289	392507	339558	1053214	955410
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	2.96E-01	1.33	1552	32	18	6956217	6412419	3934299	4098470	5090138	5184330	4325251	4598830	5216154	5668350	12466589	9739793
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	2.97E-01	1.38	685	15	13	1246902	1194322	834182	880587	942907	1009986	827645	838824	1057309	1048650	2612777	2063454
AT3G02720.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.97E-01	1.32	46	1	1	14657	17028	11636	10067	5098	14636	12076	14141	9715	8986	3732	6908
AT5G54430.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.98E-01	1.14	134	3	2	122961	66104	84743	77121	88214	70279	77766	71981	67762	64614	78419	88044
AT5G11200.2;AT5G11170.1;AT5G11200.3	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	2.98E-01	1.28	29	1	1	9101	7034	8584	5341	8914	7365	13967	9830	10911	8185	12175	4407
AT1G29370.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	2.99E-01	2.11	579	13	3	49019	48585	30083	36232	45204	50867	29666	33850	36705	47626	196726	202873
AT2G16380.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	2.99E-01	1.18	25	1	1	14958	14121	15827	22807	10169	18838	19757	21934	12781	16801	27022	16066
AT3G26600.1	ARO4 - armadillo repeat only 4	2.99E-01	1.23	51	2	1	548488	453328	845310	498343	667695	357285	707104	619740	679050	466634	104992	165643
AT3G47340.1;AT3G47340.3	ASN1, DIN6, AT-ASN1 - glutamine-dependent asparagine synthase 1	3.00E-01	1.17	91	3	1	18864	15224	28103	20694	19668	22002	31087	31875	23913	21979	18916	17358
AT1G77460.1	Armadillo/beta-catenin-like repeat ; C2 calcium/lipid-binding domain (CaLB) protein	3.00E-01	1.15	25	1	1	17607	22554	19974	20165	14695	13292	18300	14692	19984	19303	24116	28259
AT3G43920.3	DCL3, ATDCL3 - dicer-like 3	3.00E-01	1.77	23	1	1	21834	24987	10382	9440	12375	24047	8360	17281	17664	19148	60317	59711
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	3.01E-01	1.14	560	11	10	365790	343028	474242	521941	363129	366395	570710	547480	487250	459396	367788	334985
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	3.01E-01	1.04	1013	20	15	1171334	1085341	1048038	1106253	1101602	1170152	1140966	1133895	1114109	1046375	939643	1068728
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	3.01E-01	2.23	152	5	5	131082	124617	60022	82523	97369	112714	65628	68297	116961	94786	524918	486291
AT5G42700.1	AP2/B3-like transcriptional factor family protein	3.01E-01	1.35	33	1	1	62222	51993	175486	157435	106720	87459	129374	110048	89819	99759	20914	25787
AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protein	3.02E-01	1.14	108	2	2	28677	26509	50056	53114	33062	35723	47819	52031	45969	36900	46589	30709
AT2G34310.1	unknown protein	3.02E-01	1.61	222	3	3	125361	116647	68966	76505	90671	95803	72462	82329	87732	94237	311384	278237
AT4G17330.1	ATG2484-1, G2484-1 - G2484-1 protein	3.02E-01	1.59	685	12	12	515476	489575	406250	417578	450207	405027	344889	376166	443512	423612	1436152	1244630
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	3.02E-01	1.14	324	7	7	296035	312301	482559	513051	356973	402999	305915	299975	308434	299500	413090	438831
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	3.03E-01	1.05	729	13	13	1073319	1108080	1072936	1178060	965264	1054387	1127597	1134504	948573	935262	1072520	920543
AT3G05625.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.03E-01	1.09	275	6	6	136697	124680	121264	156891	133004	134035	144053	140315	120092	126737	183221	167713
AT4G39390.1	ATNST-KT1, NST-KT1 - nucleotide sugar transporter-KT 1	3.03E-01	1.83	26	1	1	29228	25577	15982	18156	29396	20482	19301	20271	21367	17900	80596	94298
AT1G08260.1	EMB142, EMB2284, POL2A, TIL1, EMB529, ABO4, ESD7 - DNA polymerase epsilon catalytic subunit	3.04E-01	1.54	21	1	1	31249	48932	45627	52759	46169	52535	38039	31734	44628	57010	148638	106971
AT1G05230.1	HDG2 - homeodomain GLABROUS 2	3.04E-01	17.33	72	1	1	683	57	502	355	49	1012	85	53	303	1324	22487	21802
AT1G21080.1;AT1G21080.3	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	3.04E-01	2.72	50	2	2	8317	9633	19810	19467	15356	13622	14063	12566	9645	9602	112540	75923
AT4G26300.1	emb1027 - Arginyl-tRNA synthetase, class Ic	3.05E-01	1.25	44	1	1	3546	4222	1122	2342	4394	4559	5932	4504	2694	4780	4610	2688
AT1G36370.1	SHM7 - serine hydroxymethyltransferase 7	3.05E-01	1.11	25	1	1	60295	51542	45705	41649	57320	52879	56522	57187	51029	43987	33855	36243
AT1G10580.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.05E-01	1.96	91	1	1	33334	47694	22274	38473	36239	38320	28559	20993	40653	36650	161974	135371
AT3G11100.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	3.05E-01	1.29	145	2	2	42900	29355	26470	22268	36903	34636	32119	24270	32297	32366	60925	65768
AT1G58250.2	SAB - Golgi-body localisation protein domain ;RNA pol II promoter Fmp27 protein domain	3.05E-01	1.14	33	1	1	4051	4844	10327	13174	5352	3866	8097	7008	8856	8721	8869	5914
AT3G14067.1	Subtilase family protein	3.05E-01	1.33	405	6	6	752257	815604	769926	825358	758784	777093	719766	783621	755675	816617	2254504	925588
AT3G08670.1	unknown protein	3.06E-01	1.09	25	1	1	210660	178808	524651	366935	186226	159805	500907	348308	260202	363005	8329	6660
AT2G25240.1	Serine protease inhibitor (SERPIN) family protein	3.06E-01	3.11	20	1	1	1717	3380	2506	3218	2373	3212	1395	1165	3225	4978	22942	17244
AT5G47860.1	Protein of unknown function (DUF1350)	3.06E-01	1.11	79	2	2	30585	25727	28648	28745	28159	27861	32472	28834	23449	33472	15011	19926
AT5G43960.1;AT5G43960.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	3.06E-01	1.07	237	5	5	956234	1109753	1296892	1447780	1398675	1473085	1322537	1403451	1368877	1373362	1402161	1327498
AT3G63540.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	3.07E-01	1.28	51	1	1	8431	7935	7395	11567	10239	9923	9540	5986	10267	10575	16347	18101
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	3.07E-01	1.56	495	9	8	550805	635966	475064	468824	563548	511405	432633	405153	528811	538844	1518087	1565549
AT3G57050.2;AT3G57050.1	CBL - cystathionine beta-lyase	3.08E-01	5.80	25	1	1	3726	0	1876	1566	1404	1950	337	0	961	195	14	306
AT5G09850.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	3.09E-01	1.71	282	4	4	114915	112409	84451	87833	74819	83247	54209	71184	110185	108011	295902	311543
AT5G47490.1	RGPR-related	3.09E-01	2.82	120	1	1	20856	22372	13552	10522	9251	13687	7744	9655	12543	21237	89086	113961
AT3G14075.1	Mono-/di-acylglycerol lipase, N-terminal;Lipase, class 3	3.10E-01	1.97	138	4	3	75652	99546	51113	36880	57122	60263	38001	47604	62208	69003	265098	268449
AT5G62390.1	ATBAG7, BAG7 - BCL-2-associated athanogene 7	3.11E-01	1.35	422	10	10	597706	523417	536386	526293	595913	610642	495480	450986	562307	556828	1241154	1285989
AT4G34070.1;AT2G45380.1;AT5G06260.1	Calcium-binding EF-hand family protein	3.11E-01	1.57	82	2	2	13277	28105	4546	30755	16127	24196	13738	20350	12235	14197	7999	5853
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	3.11E-01	1.21	103	2	1	24282	20097	16035	28252	20621	13563	14903	15170	26008	17385	5808	22335
AT4G10730.1	Protein kinase superfamily protein	3.11E-01	1.97	98	1	1	4147	4172	3382	640	2306	3683	1327	1933	4048	5809	6633	16306
AT1G13320.1;AT1G13320.2	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	3.12E-01	1.06	845	16	9	489838	549103	369884	438854	484199	490798	508956	531734	494614	464436	523716	466735
AT2G17975.1	zinc finger (Ran-binding) family protein	3.13E-01	2.47	28	1	1	54762	57986	24859	35651	38188	38231	24388	26474	47988	40035	252969	224908
AT5G46865	VAM3, ATVAM3, SYP22, ATSYP22, SGR3 - Syntaxin/t-SNARE family protein	3.13E-01	1.11	26	1	1	37591	34518	30971	30454	21504	30057	41834	43303	38995	35801	1334	4785
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	3.13E-01	1.10	615	13	12	957629	947371	481608	546697	724056	738283	824942	871801	736209	715231	875542	826668
AT1G71270.1	POK, TTD8, ATVPS52 - Vps52 / Sac2 family	3.15E-01	1.80	276	4	3	570245	651871	309634	390665	460333	470625	336399	377909	437948	473637	1992996	1529523
AT3G28710.1;AT3G28715.2	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	3.16E-01	1.16	200	5	1	76724	67612	41359	35272	69820	70746	74547	89054	54149	53837	82570	64315
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	3.16E-01	1.27	940	17	16	3235026	3353649	2807738	2834601	2725542	2861976	2463863	2182785	3381889	3375177	6011476	5283331
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	3.18E-01	1.54	589	10	10	12383795	11541923	6586905	6914826	7867840	8162459	6752428	6469501	9664422	8915526	24393206	26072629
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	3.18E-01	1.21	103	3	3	318257	303074	256211	309987	169627	158543	146517	149355	162649	173424	330187	295048
AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/YVTN repeat-like protein	3.18E-01	1.11	203	4	4	164205	143131	163089	182756	178248	188961	180817	199303	161219	172535	91701	112203
AT1G68720.1	TADA, ATTADA - tRNA arginine adenosine deaminase	3.19E-01	1.25	69	2	1	1233	1763	386	451	1092	0	471	0	0	0	809	4883
AT5G37830.1	OXP1 - oxoprolinase 1	3.19E-01	1.20	27	1	1	13585	10571	3735	9411	6943	16755	13583	9582	11591	13932	16524	7864
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	3.19E-01	1.62	865	15	15	1382517	1282719	1020913	1059283	1115011	1261498	880651	846919	1204486	1293694	3846295	3486729
AT2G39770.1	CYT1, VTC1, SOZ1, EMB101, GMP1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	3.20E-01	1.19	30	1	1	11618	9463	14945	12657	19633	18190	20549	16968	16558	12792	2251	3788
AT5G35360.3;AT5G35360.2	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	3.20E-01	1.03	1503	30	27	8161684	8207412	8179124	8941164	7685324	8302322	8107429	8269204	7594586	7649238	8215353	8311665
AT3G45850.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.21E-01	1.16	80	1	1	22329	28548	37635	44404	27168	26539	27610	28022	36430	25388	23137	20435
AT4G02540.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	3.21E-01	1.17	25	1	1	1913	1778	3279	1567	690	723	2841	2322	1505	1737	45	77
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	3.21E-01	1.11	109	4	4	115795	117958	114149	124461	124766	100206	80065	80032	70370	80781	169064	148296
AT3G50690.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	3.21E-01	1.30	21	1	1	91681	59094	125323	24590	97995	77048	111646	73095	79203	80027	663	20112
AT1G74560.1;AT1G18800.1;AT1G74560.3	NRP1 - NAP1-related protein 1	3.23E-01	1.38	57	2	2	24463	27080	15811	15780	21064	21751	15185	15709	28639	23041	33930	57799
AT1G20970.1	unknown protein	3.24E-01	3.76	26	1	1	4842	2794	3038	2976	5105	5410	3001	2361	3038	3445	46000	32927
AT5G22060.1	ATJ2, J2 - DNAJ homologue 2	3.25E-01	1.14	140	4	1	21325	23635	14572	13948	17941	16823	9663	7182	10354	10609	26142	31236
AT4G11380.1	Adaptin family protein	3.25E-01	1.07	847	18	6	863147	820116	816503	837404	1002270	1002034	919500	946845	882993	826569	679549	748998
AT1G06850.1	AtbZIP52, bZIP52 - basic leucine-zipper 52	3.25E-01	3.53	25	1	1	23477	17665	10212	7643	21029	20726	10765	11443	11488	14690	166495	140522
AT5G51830.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	3.25E-01	4.33	21	1	1	7804	14202	1582	0	3941	6850	1318	903	3670	6447	78922	57579
AT5G15880.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736; Fi	3.26E-01	1.21	45	2	1	104638	125171	94526	139305	97660	121940	100222	125453	100975	103725	199475	194203
AT1G74850.1	PTAC2 - plastid transcriptionally active 2	3.26E-01	1.17	25	1	1	43880	42965	93211	59677	34210	29902	84393	79379	42569	42940	5476	5700
AT2G25730.1;AT2G25730.2	unknown protein; Has 157 Blast hits to 144 proteins in 62 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 101; Fungi	3.27E-01	1.28	22	1	1	2777	2040	197	930	1746	1788	2983	1304	1205	1463	2907	2265
AT3G55200.1	Cleavage and polyadenylation specificity factor (CPSF) A subunit protein	3.27E-01	1.11	176	4	4	48261	49547	42243	34993	41040	51160	57877	55209	59275	43737	43441	37508
AT2G15860.1;AT2G15860.2	unknown protein	3.27E-01	1.15	236	4	4	341492	402967	313436	376213	357995	387731	293195	318888	399285	406458	544276	547584
AT1G37113.1	unknown protein; LOCATED IN: chloroplast; Has 24 Blast hits to 24 proteins in 7 species: Archae - 0; Bacteria - 0;	3.28E-01	1.50	22	1	1	2645	14683	28449	43577	12706	14471	24743	26816	10734	13593	766	1229
AT1G08970.1;AT1G54830.1	HAP5C, NF-YC9 - nuclear factor Y, subunit C9	3.28E-01	1.07	347	6	3	127866	110760	117812	143705	136178	131885	116488	126666	135044	135748	162814	141801

AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.29E-01	1.41	1889	34	30	4687388	4382511	3672220	3567945	3949743	3872924	3074358	3060241	4349452	4158159	9987822	9476999
AT1G74640.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	3.29E-01	1.20	37	1	1	18483	22511	34017	36566	33122	23390	34092	32005	27146	25312	12525	9472
AT4G00770.1	unknown protein; Has 127 Blast hits to 120 proteins in 33 species: Archae - 0; Bacteria - 2; Metazoa - 6; Fungi - 1	3.30E-01	3.22	52	2	1	34469	25812	17623	8734	25330	18469	16368	7920	24573	20837	180728	169887
AT1G07920.1;AT1G07930.2;AT5G60390.2	GTP binding Elongation factor Tu family protein	3.30E-01	1.07	1365	24	24	6676958	7439829	8059648	8699906	6942412	7435431	7572098	7377000	7793629	7782180	6286272	5432647
AT3G53340.1	NF-YB10 - nuclear factor Y, subunit B10	3.30E-01	3.05	54	1	1	4732	2900	1479	2392	2221	1993	1421	964	3973	3037	16982	21500
AT3G01390.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	3.31E-01	1.15	29	1	1	1382	1353	4771	4197	0	589	1146	2188	1369	1437	5369	2596
AT1G64550.1	ATGCN3, GCN3 - general control non-repressible 3	3.31E-01	1.04	319	8	7	333937	298815	326189	285228	334362	282698	338447	328560	319887	316503	294277	334339
AT4G09320.1	NDPK1 - Nucleoside diphosphate kinase family protein	3.32E-01	1.13	40	1	1	5074	3930	4663	4297	5749	5271	6702	4413	5447	3991	2314	2849
AT4G24800.1	MA3 domain-containing protein	3.33E-01	1.11	81	3	3	46228	43732	35598	34394	45046	54638	50580	63067	44657	49689	41463	38403
AT2G32980.1	unknown protein; Has 158 Blast hits to 154 proteins in 73 species: Archae - 0; Bacteria - 61; Metazoa - 0; Fungi -	3.33E-01	1.63	198	3	3	62760	66772	38710	45911	47832	57681	37779	42266	44088	63158	169795	162406
AT1G23900.1;AT1G23940.1	GAMMA-ADAPTIN 1, Gamma-ADR - gamma-adaptin 1	3.33E-01	1.11	354	9	7	78575	70830	36258	32959	59785	65787	67116	59621	68352	65790	57690	63489
AT5G45570.1	Ulp1 protease family protein	3.33E-01	2.16	35	1	1	11571	6778	10223	6540	9339	10408	9677	5137	7540	8640	29749	57518
AT2G39960.1	Microsomal signal peptidase 25 kDa subunit (SPC25)	3.34E-01	1.14	54	2	2	192980	173692	174189	135098	144344	137250	176007	188033	184993	156011	61444	70325
AT5G54620.1	Ankyrin repeat family protein	3.34E-01	1.31	29	1	1	59287	50476	70644	68634	68960	54677	51207	44146	73174	67821	108721	143942
AT3G11770.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	3.34E-01	1.10	80	2	1	83816	144319	61196	81918	79979	85793	106124	107900	80312	88403	100932	108604
AT3G25070.1	RIN4 - RPM1 interacting protein 4	3.34E-01	1.27	32	1	1	17633	15885	9039	3382	12903	15288	14382	15177	7929	12090	22753	22005
AT5G50530.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domains-containing protein	3.36E-01	1.27	27	1	1	9762	10044	4746	5691	15699	9177	5108	13813	7930	2232	4937	9293
ATCG00420.1	NDHJ - NADH dehydrogenase subunit J	3.36E-01	1.09	143	3	3	347599	326524	249954	250311	282107	310320	333773	392160	311467	331224	311988	245428
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	3.37E-01	1.05	2026	39	38	11486907	11380502	10471035	10961050	11748854	11201601	11881192	11596875	11232695	10922744	9891480	8623383
AT4G14695.1	Uncharacterised protein family (UPF0041)	3.37E-01	1.21	21	1	1	2967	2139	3581	4122	3806	5093	3359	5542	4002	2807	0	2220
AT3G49690.1	RAX3, MYB84, ATMYB84 - myb domain protein 84	3.37E-01	1.69	22	1	1	61202	54084	25936	37409	42039	42449	32398	21963	59416	51493	149132	131258
AT1G02280.1	TOC33, ATTOC33, PPI1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 33	3.38E-01	1.12	122	3	2	41678	48158	51843	61182	66921	67047	57535	63759	50853	46602	46010	36147
AT1G12930.1	ARM repeat superfamily protein	3.38E-01	1.14	25	1	1	6490	4583	1324	903	3788	2898	3933	3423	4737	4676	2829	3208
AT1G31730.1	Adaptin family protein	3.39E-01	1.10	559	9	8	476670	447398	245546	230784	406172	430101	424204	392032	428815	399194	423149	389284
AT1G68790.1	LINC3 - little nuclei3	3.39E-01	1.40	32	1	1	13089	10072	8286	7025	9919	11321	7623	6117	12583	12123	23003	22050
AT3G13990.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	3.40E-01	1.96	177	4	3	36233	32984	36948	26620	42171	38767	24037	27557	27578	40308	152042	146828
ATCG00170.1	RPOC2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	3.40E-01	1.27	61	2	1	3763	3049	2635	2090	6511	5747	5411	3219	5142	1468	1864	1578
AT1G24851.1	unknown protein	3.40E-01	1.38	28	1	1	44334	44370	132681	143159	50971	51285	71213	71252	68204	92018	10700	24164
AT3G04610.1	FLK - RNA-binding KH domain-containing protein	3.40E-01	1.35	61	2	2	49546	46775	38251	42852	38123	34747	40176	26846	42556	45368	89257	94710
AT4G39730.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	3.41E-01	1.05	126	2	2	290551	286617	278057	301528	300977	328870	299052	330396	347553	340352	289085	271350
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	3.41E-01	1.82	2884	44	43	11903665	12402610	8384648	8985424	9746272	10724166	7343692	7507859	9955316	10053426	41790748	36379215
AT1G69250.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	3.42E-01	1.32	21	1	1	132167	116880	100391	91604	113698	110492	84548	85850	117142	122175	235605	235777
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	3.42E-01	1.09	5953	91	25	3645936	3998878	2220590	2386260	3591521	3888630	3596012	3694372	3394495	3289886	3811762	3649719
AT1G32160.1	Protein of unknown function (DUF760)	3.43E-01	1.06	160	3	3	158012	150845	161874	151839	130047	130145	168303	140826	140603	127766	124116	131623
AT2G43030.1	Ribosomal protein L3 family protein	3.44E-01	1.22	50	2	2	31147	40327	41929	38418	32756	24974	28508	29412	41667	33220	61979	61300
AT5G45420.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	3.44E-01	1.31	20	1	1	471581	444242	268547	309202	392957	454537	349916	314282	381257	368647	838575	807252
AT5G46760.1;AT1G32640.1	Basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding family protein	3.44E-01	1.49	55	2	2	188392	182041	141658	145852	188094	179747	107383	127807	186410	213374	473041	419446
AT5G65620.1	Zincin-like metalloproteases family protein	3.45E-01	1.34	35	1	1	1558	1725	629	776	995	347	520	996	892	1356	0	751
AT3G62010.2;AT3G62010.1	unknown protein; LOCATED IN: cellular_component unknown; EXPRESSED IN: 23 plant structures; EXPRESSED DI	3.46E-01	1.11	94	2	2	55032	49560	36167	26647	42340	37299	42230	38927	49368	40332	44435	59114
AT1G15140.1;AT1G15140.2	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	3.46E-01	1.17	34	1	1	2642	2405	4895	4121	3058	3343	3370	3719	3573	1964	2900	1966
AT4G01510.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	3.47E-01	1.18	425	8	8	429098	515980	444923	546248	467687	536568	402638	408559	509939	547614	835189	777446
AT1G49760.1	PABB, PABP8 - poly(A) binding protein 8	3.47E-01	1.11	367	8	6	407317	392960	575181	666521	473073	487666	420654	425470	443728	448494	517741	455839
AT5G49510.1	PFD3 - prefoldin 3	3.47E-01	1.09	124	3	3	42589	54763	39834	55914	45740	41755	54402	43407	45370	44137	56364	61191
AT2G47470.1;AT2G47470.3	ATPDIL2-1, UNE5, MEE30, PDI11, ATPDI11 - thioredoxin family protein	3.47E-01	1.17	24	1	1	3457	1382	5233	1790	6031	3663	4787	3969	3493	5367	0	765
AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	3.48E-01	1.08	943	15	15	679836	683994	650652	699281	653871	624887	825451	898164	703592	681985	638114	574055
AT5G23080.1	TGH - SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	3.48E-01	3.55	34	1	1	2275	2437	3249	2287	7388	3844	915	3619	3626	3402	29368	35223
AT3G53810.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	3.48E-01	1.37	26	1	1	16893	24637	15785	26324	19906	25900	15787	20500	19790	21478	55234	44311
AT3G18820.1	ATRABG3F, ATRAB7B, RAB71, RABG3F, RAB7B - RAB GTPase homolog G3F	3.49E-01	1.23	111	3	1	42402	84329	24841	40898	41642	46510	30348	44926	54121	54765	86170	73636
AT3G14900.1	unknown protein	3.49E-01	1.45	90	3	2	48673	25181	59427	38956	41324	28470	52368	32673	31615	29887	88196	115625
AT5G44090.1	Calcium-binding EF-hand family protein	3.49E-01	1.16	196	3	1	72939	68329	42284	43418	76200	65826	59822	57192	61464	66112	40443	31946
AT4G26110.1	NAP1;1, ATNAP1;1 - nucleosome assembly protein1;1	3.50E-01	1.38	203	6	5	220696	238589	220926	222823	190709	214778	152655	168094	234595	247860	535956	468538
AT4G33510.1;AT4G33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	3.50E-01	1.08	1172	22	18	2964332	2979004	3700794	3889537	3343986	3602454	3749748	3894707	3150346	3194801	2464473	2425284
AT3G45820.1	unknown protein; Has 1 Blast hits to 1 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	3.50E-01	2.77	35	1	1	5623	5700	4246	2544	2915	2208	3030	1384	3124	5680	20637	30570
AT5G39510.1	VTI11, ATVTI1A, ATVTI11, ZIG, SGR4, VTI1A, ZIG1 - Vesicle transport v-SNARE family protein	3.51E-01	1.13	26	1	1	12878	11256	9550	7998	12952	11985	15521	15488	9600	14248	9529	11217
AT5G60640.1;AT5G60640.2;AT5G60640.3	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	3.51E-01	1.37	608	11	11	2091223	1940743	1461796	1471495	1800128	2085771	1408094	1435396	1720700	1960229	4506609	3794322
AT1G47250.1	PAF2 - 20S proteasome alpha subunit F2	3.51E-01	1.22	134	2	1	34335	26703	27984	26786	17083	19636	20000	21790	31446	24088	45673	43619
AT3G11730.1	ATFP8, ATRABD1, RABD1 - Ras-related small GTP-binding family protein	3.51E-01	1.17	115	3	1	7406	10934	8862	9553	9903	10512	11271	9054	10622	9002	7671	1274
AT4G28770.2	Tetraspanin family protein	3.51E-01	1.08	50	1	1	6584	6578	1722	5239	8026	5272	10061	11270	2829	4530	0	2214
AT1G73660.1;AT1G18160.1	protein tyrosine kinase family protein	3.52E-01	1.35	165	4	4	150932	141453	108924	120810	125400	138210	102736	109068	124221	134323	273636	317104
AT5G01500.1	TAAC - thylakoid ATP/ADP carrier	3.52E-01	2.54	42	2	1	8793	23129	9368	22019	4574	22488	9676	18839	5835	12380	101432	81505
AT4G37080.1	Protein of unknown function, DUF547	3.52E-01	1.16	23	1	1	38777	44496	56863	63948	37346	33581	44835	52600	43238	40144	33364	22796
AT1G11910.1;AT1G62290.1	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	3.52E-01	1.14	1561	22	21	20834665	21179421	18114410	19494650	16609028	17592683	16148099	16176261	20660754	19904704	29860521	27529271
AT3G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	3.53E-01	1.15	55	1	1	12032	13495	14865	23261	16296	16896	16206	17595	20410	21645	5068	3210
AT5G26000.1;AT1G51490.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	3.53E-01	1.10	338	7	6	180368	181063	184690	213430	157662	186147	185994	199976	199595	196479	109831	113761
AT2G27030.1;AT2G41110.2	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	3.54E-01	1.27	525	6	2	2580522	2738433	1958305	2290089	1932579	1897401	1724938	1612067	2781451	2622752	3374706	4955857
AT4G24820.2	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	3.57E-01	1.07	112	3	3	66025	66382	51397	51018	82102	72112	72799	71406	67701	62667	78082	64292
AT4G35260.1;AT2G17130.1;AT4G35650.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	3.57E-01	1.12	184	4	4	209591	217529	166621	195078	216602	227257	205798	202648	191157	186550	321378	275310
AT1G53700.1	WAG1, PK3AT - WAG 1	3.58E-01	1.17	23	1	1	2740	1936	2007	1779	2136	1295	1957	2483	372	1489	2649	1209
AT4G04350.1	EMB2369 - tRNA synthetase class I (I, L, M and V) family protein	3.58E-01	1.20	27	1	1	6206	3514	17142	8428	6078	10537	15637	8730	5918	10977	13081	7991
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.58E-01	1.49	103	2	2	155166	106394	63044	60378	125241	131294	78303	75249	102433	115059	274074	308674
AT1G63360.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	3.59E-01	1.22	23	1	1	60294	90065	75973	125664	43718	80708	43029	55943	66456	79117	69988	75872
AT1G75690.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	3.59E-01	1.08	68	2	2	174251	132060	227292	220194	231581	236166	218119	209365	211237	250392	212757	215722
AT1G35340.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	3.60E-01	1.26	30	1	1	2075	2793	8893	6337	4738	4331	7047	5183	5590	3885	377	1143
AT5G24020.1	MIND, ARC11, ATMIND1 - septum site-determining protein (MIND)	3.60E-01	1.10	511	10	9	459617	520787	525644	580528	574708	585548	641332	615429	561214	532859	302717	285102
AT2G38230.1;AT2G38210.1;AT3G16050.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	3.61E-01	1.07	1756	29	16	3401480	3216528	4831865	4838439	3322890	3229769	4228868	4131452	4460608	4101798	3816950	3692416
AT1G42480.1;AT1G42480.2	unknown protein	3.61E-01	1.81	293	6	6	146503	171187	107657	101932	154260	138346	93405	96190	126018	137035	553750	481344
AT4G15420.1	Ubiquitin fusion degradation UFD1 family protein	3.62E-01	1.17	104	1	1	3178	5120	6375	7000	3975	4695	5298	4618	2965	3180	4116	5657
AT5G64050.1	ATERS, OVA3, ERS - glutamate tRNA synthetase	3.62E-01	1.17	23	1	1	15763	19091	16224	20810	11847	16116	22901	29399	19461	16425	12684	16222
AT1G28000.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	3.62E-01	1.15	23	1	1	41066	33553	20215	24483	36669	30580	34926	31333	28479	27325	19819	19768
AT3G63410.1	APG1, VTE3, IEP37, E37 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	3.64E-01	1.11	403	8	8	829742	733895	624664	686657	875499	922294	1042960	1059189	902743	852871	692923	647407
AT1G62640.1	KAS III - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase III	3.64E-01	1.07	50	1	1	2383	0	6376	3662	1261	1012	3174	2073	1862	2240	2551	1865
AT4G33240.3	FAB1A - 1-phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinases;zinc ion binding;1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kin	3.65E-01	3.10	42	1	1	1648	1270	0	0	218	342	0	1020	965	627	3544	4625
AT1G20840.1	TMT1 - tonoplast monosaccharide transporter1	3.65E-01	1.25	43	1	1	2683	7168	2255	4102	5538	4536	7168	6973	3241	3133	4541	7844
AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	3.65E-01	1.07	77	2	2	27314	28363	30276	31456	22529	24891	25638	26137	22056	32418	25555	21654
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	3.67E-01	1.57	297	6	5	580392	555876	396096	394755	401071	383404	356234	372315	407672	385030	1517094	1209470
AT3G27050.1	unknown protein; Has 43 Blast hits to 43 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	3.67E-01	1.07	120	3	3	224588	234505	333074	338079	271573	254872	308339	304850	324547	310009	260845	262541
AT2G48120.1	PAC - pale cress protein (PAC)	3.68E-01	1.19	25	1	1	6929	4101	10113	3655	5870	6653	8418	6288	7992	5568	1221	1752
AT2G38440.1	ITB1, SCAR2, DIS3, WAVE4, ATSCAR2 - SCAR homolog 2	3.68E-01	1.52	176	5	4	65560	84306	65211	68627	70537	66745	58203	48540	58589	79435	193860	200028
AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	3.69E-01	1.06	256	5	5	300243	313113	408397	393690	378171	413815	362281	359469	368414	388960	431303	426442
AT3G22380.2;AT3G22380.1	TIC - time for coffee	3.69E-01	1.56	100	3	3	88850	128193	65821	86856	72871	100822	59621	68922	92477	93378	313999	217726
AT5G02850.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	3.70E-01	1.54	60	1	1	4181	6132	6473	8349	9261	7718	5937	5030	6871	5920	22330	18735
AT4G00120.1	IND1, GT140, IND, EDA33 - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	3.70E-01	1.11	22	1	1	107354	171594	134747	136856	100304	135364	96605	105503	96482	100976	178732	127741
AT4G29520.1	unknown protein	3.70E-01	1.65	390	8	8	192652	198079	144002	145518	207330	232327	130628	130337	190408	184616	502277	708608
AT5G66400.2	RAB18, ATDI8 - Dehydrin family protein	3.71E-01	54.63	34	1	1	0	326	0	0	0	0	0	0	0	0	7789	10019
AT2G45540.2	WD-40 repeat family protein / beige-related	3.72E-01	1.16	1103	26	24	881808	859447	572140	587310	814021	839368	771191	703700	677155	703478	1294308	1146051

AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	3.72E-01	1.48	1594	25	24	4151570	4993443	3116177	3348597	3296605	3256774	2782028	2744114	3658961	3565703	10856931	9216911
AT4G00585.1	unknown protein; Has 47 Blast hits to 47 proteins in 22 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 3; Fungi - 7; I	3.72E-01	1.14	20	1	1	17393	15507	14532	10715	21114	16433	18855	19470	10869	13295	8759	13061
AT4G22150.1	PUX3 - plant UBX domain-containing protein 3	3.73E-01	1.63	204	4	3	257090	280654	189672	237465	191850	210989	169101	175752	196702	217966	740997	732028
AT3G13290.1	VCR - varicose-related	3.73E-01	1.12	549	9	5	53481	43952	42090	34594	45894	52568	44643	47256	40407	41853	62004	70219
AT4G24680.1	MOS1 - modifier of snc1	3.73E-01	1.68	51	1	1	39556	47796	25163	34556	39590	37009	29263	23431	37548	35122	137859	112571
AT2G38020.1;AT2G38020.2	VCL1, MAN, EMB258 - vacuoleless1 (VCL1)	3.74E-01	1.18	187	3	3	20817	20197	15955	18334	22812	25553	28354	30515	29433	25791	17591	14074
AT3G58460.2	RBL15 - RHOMBOID-like protein 15	3.75E-01	1.17	40	1	1	2082	1310	1258	1256	2330	1867	2053	3190	1427	1843	1872	1459
AT2G45740.1;AT1G01820.1	PEX11D - peroxin 11D	3.75E-01	1.11	85	3	3	69587	58330	51482	51331	66904	76164	77178	63942	58534	58020	41680	38681
AT3G21220.1;AT1G51660.1	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEK5, MEK5 - MAP kinase kinase 5	3.76E-01	1.13	94	3	3	169086	87850	160703	120320	146477	135869	125668	125560	129609	85116	125586	134523
AT1G15690.1;AT1G15690.2	AVP1, ATAVP3, AVP-3, AtVHP1;1 - Inorganic H pyrophosphatase family protein	3.76E-01	1.14	824	11	11	1518858	1536891	766510	823792	1310115	1292978	1856262	1811551	1133243	1174618	1200735	1121469
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	3.76E-01	1.04	621	12	6	373926	358863	345537	429730	384215	371493	375628	405072	345486	350327	350468	354047
AT4G15410.1	PUX5 - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B prime gamma	3.77E-01	1.37	509	11	10	655258	662354	511582	506278	530263	491569	447021	462405	537244	508034	1301704	1352526
AT3G16970.1	Plant self-incompatibility protein S1 family	3.77E-01	1.09	23	1	1	102940	123392	73035	72123	106020	131316	103210	115582	96109	123989	125668	98608
AT5G58040.1	ATFIP1[V], FIP5S, ATFIP5S, FIP1[V] - homolog of yeast FIP1 [V]	3.78E-01	2.94	124	3	3	26722	36080	30015	25779	34643	23115	12645	17316	34906	28930	223176	201177
AT1G12840.1	DET3, ATVHA-C - vacuolar ATP synthase subunit C (VATC) / V-ATPase C subunit / vacuolar proton pump C subuni	3.78E-01	1.07	584	10	10	869254	961664	828829	911205	855994	931830	1061482	1051316	796936	799234	712752	579025
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	3.79E-01	1.10	278	5	5	246102	253062	273309	301132	253105	299139	297048	329425	345639	334043	275392	203391
AT1G65010.1;AT3G09980.1;AT4G27595.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	3.79E-01	1.35	961	23	22	1442158	1399391	1223343	1248761	1097180	1112260	1007453	953148	1211512	1275299	3060302	2656756
AT4G00630.1	KEA2, ATKEA2 - K+ efflux antiporter 2	3.79E-01	1.13	123	3	2	13374	11261	15263	19913	14848	10743	20682	15172	10874	18730	4589	5371
AT5G12040.1	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase family protein	3.79E-01	1.20	26	1	1	6103	8569	4263	7634	4165	5381	5268	6132	4909	888	6672	6256
AT5G46650.1	RING/U-box superfamily protein	3.81E-01	1.61	24	1	1	7486	5366	2991	6706	10097	8114	5470	4275	4119	11705	18802	21284
AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-containing protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	3.81E-01	1.55	252	5	5	141369	156294	82450	86215	126728	125210	83776	76461	116400	140579	365248	331151
AT4G04040.1	MEE51 - Phosphofructokinase family protein	3.81E-01	1.06	115	2	1	6678	8547	7803	10435	8669	10209	3330	6333	16437	15674	1537	6179
AT3G52750.1	FTSZ2-2 - Tubulin/FtsZ family protein	3.83E-01	1.07	1385	20	11	636203	616490	1030509	1010131	792640	771593	839512	807330	838907	886349	979310	844973
AT5G59890.1	ADF4, ATADF4 - actin depolymerizing factor 4	3.83E-01	1.13	109	2	1	5884	7247	10027	6470	6366	7462	8651	7331	8781	8183	2707	2785
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	3.83E-01	1.05	1986	37	35	3679295	3948604	3116652	3411251	3434629	3503295	4134861	4041359	3604566	3828773	3376753	3187603
AT5G60840.1	unknown protein; Has 361 Blast hits to 333 proteins in 92 species: Archae - 2; Bacteria - 55; Metazoa - 145; Fung	3.83E-01	1.48	195	4	4	239752	213162	185832	195024	230224	190671	176874	165676	184700	181725	572699	570757
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	3.83E-01	1.45	3384	71	66	42255733	37909864	29337480	24959793	33916710	33425398	27684457	25186666	31403903	31163966	78042972	98746221
ATCG00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	3.84E-01	1.07	62	2	2	37869	39466	54744	56969	42504	45852	44146	47461	56515	49205	55799	43875
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	3.84E-01	1.10	179	4	4	253840	252240	392144	382582	314894	323160	324998	330303	303109	290980	266001	229994
AT5G60860.1;AT1G28550.1;AT2G33870.1;AT4G	AtRABA1f, RABA1f - RAB GTPase homolog A1F	3.84E-01	1.18	273	6	1	20418	14740	11592	9892	21034	19094	20452	14963	13160	10510	10956	12251
AT1G66410.1;AT1G66410.2;AT2G27030.2	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	3.85E-01	1.34	560	7	3	2245712	2287879	1800690	2134465	2044873	1932292	1373070	1516882	2463115	2420175	4848143	4080693
AT1G16920.1	RAB11, ATRABA1B, RABA1b - RAB GTPase homolog A1B	3.86E-01	1.14	238	5	1	4612	7552	4386	3974	6953	6359	9624	5950	4741	5798	5331	7270
AT1G77590.1;AT2G04350.1	LACS9 - long chain acyl-CoA synthetase 9	3.86E-01	1.15	121	3	3	32110	28020	20181	19572	34040	32499	41940	41303	31280	30986	25642	20700
AT1G49360.1	F-box family protein	3.87E-01	1.31	24	1	1	42033	36662	48860	36192	40601	36484	33660	28289	49465	36228	74164	94887
AT1G26810.1	GALT1 - galactosyltransferase1	3.87E-01	1.25	25	1	1	42509	41736	25814	29996	29247	27650	24433	27076	33611	35200	64776	61167
AT5G17690.1	TFL2, LHP1 - like heterochromatin protein (LHP1)	3.88E-01	2.09	65	1	1	6417	7355	2880	8500	4843	11439	4993	2082	8301	10447	25222	35727
AT2G18630.1	Protein of unknown function (DUF677)	3.88E-01	1.60	20	1	1	11909	13079	13477	9582	12103	14705	11237	9336	8573	14781	50588	24926
AT2G42590.1;AT2G42590.2;AT2G42590.3	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	3.88E-01	1.06	658	12	9	1982424	1886946	2106936	2109449	2214562	2130037	2077803	2159500	2298413	2144620	1557629	1469140
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	3.89E-01	1.08	496	11	4	219116	228830	245365	301292	183559	209556	189187	223468	237616	223939	202943	207236
AT4G02630.1	Protein kinase superfamily protein	3.89E-01	1.92	27	1	1	4871	7531	12664	3330	10030	1593	25735	14568	13827	11605	889	10327
AT1G26440.1	ATUPS5, UPS5 - ureide permease 5	3.89E-01	1.18	26	1	1	10938	7414	18156	19131	18333	12269	11823	13810	18374	20595	2628	5626
AT1G02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.90E-01	1.08	351	7	6	172751	199933	152846	166377	176165	214719	212666	194292	176938	165202	116984	132616
AT1G65650.1	UCH2 - Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1	3.90E-01	1.09	151	2	2	41563	43089	46361	40565	42891	55185	48233	44228	51205	47130	29433	27701
AT1G66970.1;AT1G66970.2;AT1G66980.1;AT4G	SVL2 - SHV3-like 2	3.91E-01	1.03	408	8	8	431752	427995	426034	516831	426023	456968	425454	448572	450888	438439	431581	401376
AT5G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.91E-01	1.10	178	2	2	122865	169531	118976	130978	116923	143713	129723	144921	140870	145773	99033	69284
AT3G51260.1;AT3G51260.2;AT5G66140.1	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	3.92E-01	1.07	219	5	5	169740	196824	236932	251803	197587	191658	186492	205594	191335	191991	194468	198437
AT4G14210.2	PDS3, PDS, PDE226 - phytoene desaturase 3	3.92E-01	1.09	219	6	6	104205	85110	77574	79047	105685	101362	90400	105518	86712	80916	120151	116792
AT1G32070.1	ATNSI, NSI - nuclear shuttle interacting	3.92E-01	1.09	29	1	1	65554	72981	88837	91260	66192	71639	85579	87218	69751	74388	49567	51322
AT5G48580.1	FKBP15-2 - FK506- and rapamycin-binding protein 15 kD-2	3.93E-01	1.14	43	2	1	5956	7285	12108	7993	6586	6193	10230	7870	7300	10420	2685	1955
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	3.93E-01	1.08	138	3	3	297793	294047	228759	239921	338606	360260	281231	274240	307053	296698	392379	349988
AT2G24680.2	transcriptional factor B3 family protein	3.93E-01	1.09	20	1	1	96632	93160	105820	130873	96432	118433	97509	108399	111625	101219	162200	120957
AT2G42500.1;AT2G42500.2;AT2G42500.3;AT4G	PP2A-3 - protein phosphatase 2A-3	3.94E-01	1.09	424	11	1	54860	46440	37514	42831	46990	47004	51180	60488	40495	43887	60634	43397
AT2G27600.1	SKD1, VPS4, ATSKD1 - AAA-type ATPase family protein	3.94E-01	1.29	86	2	2	8911	7306	22287	23204	13805	13441	10051	13582	15141	12208	9025	8857
AT4G30930.1	NFD1 - Ribosomal protein L21	3.94E-01	1.38	64	2	2	162305	129535	127298	113466	132550	126815	91890	96130	142169	140835	320896	304471
AT1G56200.1	emb1303 - embryo defective 1303	3.94E-01	1.13	34	1	1	5382	9473	6988	9259	5834	7260	9783	10638	6062	9366	5985	8276
AT1G79230.1;AT1G79230.3	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1, STR1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	3.95E-01	1.20	83	2	2	46191	58389	46006	53661	65191	61873	59934	56135	61607	48667	120967	49110
AT1G26470.1	unknown protein	3.95E-01	2.27	67	1	1	3649	4764	3152	3298	3879	662	1280	2919	2336	3162	20249	14058
AT4G31810.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	3.97E-01	1.15	38	1	1	6614	9316	6641	11840	11488	9335	8881	8928	8237	8841	12388	16067
AT1G42440.1	unknown protein	3.98E-01	2.37	101	3	3	71043	63663	42710	49435	51557	56100	41907	39504	46675	36632	320636	308685
AT3G63260.1;AT3G63260.2	ATMRK1 - Protein kinase superfamily protein	3.99E-01	1.40	68	1	1	12810	20495	10514	10970	12574	16902	18024	15860	15526	6738	20640	41477
AT2G27630.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase-related protein	3.99E-01	1.07	23	1	1	69828	89431	49803	51666	42685	51866	64443	66770	60001	64783	61064	62793
AT5G06530.3;AT5G06530.1	ABC-2 type transporter family protein	3.99E-01	1.16	27	1	1	35520	43313	24184	24384	30226	38545	25988	29141	35624	33524	58130	46057
AT4G08320.1	TPR8 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.99E-01	1.10	59	2	2	35425	54888	36563	40163	39535	53575	33651	45320	36054	32182	47618	41751
AT4G01850.1;AT1G02500.1	SAM-2, MAT2, SAM2, AtSAM2 - S-adenosylmethionine synthetase 2	3.99E-01	1.08	262	6	3	114816	100147	91156	137269	124172	118911	109699	110189	95978	81090	139154	98021
AT1G04830.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	3.99E-01	1.12	22	1	1	50915	53450	32488	37466	38297	46929	49093	46671	39368	41862	33539	21781
AT1G06040	LisH and RanBPM domains containing protein	4.00E-01	1.13	37	1	1	4698	7338	8119	5530	5626	6743	7181	7213	6643	5977	4229	4448
AT4G25080.4	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	4.00E-01	1.12	233	6	5	100640	173650	141163	178032	123994	152800	149720	161890	121100	152425	111837	79095
AT5G16130.1;AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e family protein	4.00E-01	1.22	79	2	2	20783	23701	43237	45525	19069	25177	26060	23921	21533	28687	23902	21873
AT3G09200.1;AT3G09200.2	Ribosomal protein L10 family protein	4.01E-01	1.45	1410	23	7	7231126	8003219	5078559	5565550	6395284	6908656	4905796	4754150	6312009	6277394	17489378	17239916
AT4G32551.1;AT4G32551.2	LUG, RON2 - LisH dimerisation motif;WD40/YVTN repeat-like-containing domain	4.01E-01	1.55	27	1	1	21926	21222	12279	10544	18128	17571	15496	10852	15589	14224	46616	54450
AT4G30580.1	ATS2, EMB1995, LPAT1 - Phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	4.01E-01	1.11	45	2	1	305	4229	2304	3931	5361	6064	5401	4597	3232	4190	3442	3755
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone GrpE family protein	4.01E-01	1.61	338	8	8	282144	287574	205675	216731	266831	285796	180153	188573	232543	249414	788783	843936
AT2G30170.1;AT2G30170.2	Protein phosphatase 2C family protein	4.01E-01	1.06	849	13	12	997998	1010337	1222392	1391694	1142872	1265236	1306907	1324722	1250032	1341550	1074672	1122388
AT4G12440.1;AT4G22570.1	APT4 - adenine phosphoribosyl transferase 4	4.01E-01	1.13	27	1	1	3908	3102	6275	5448	5217	3803	4876	5463	6267	5162	1071	1627
AT2G31810.1;AT2G31810.2;AT2G31810.3	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	4.02E-01	1.09	915	19	18	1520414	1492414	1931028	2037878	1560926	1544731	1909578	1884200	1597676	1633894	1198258	1048972
AT5G13380.1	Auxin-responsive GH3 family protein	4.02E-01	1.10	22	1	1	10140	8106	6741	9513	12019	11743	4774	5598	12867	4721	17411	7414
AT3G56060.1	Glucose-methanol-choline (GMC) oxidoreductase family protein	4.03E-01	1.09	47	1	1	3321	4369	3562	1733	2117	2031	1436	523	1173	1962	4568	6034
AT4G22320.2;AT4G22320.1	unknown protein	4.04E-01	1.88	122	3	3	47691	46999	36966	35290	34935	42588	24118	30127	33267	43825	182767	146223
AT5G45620.1;AT5G45620.2	Proteasome component (PCI) domain protein	4.04E-01	1.09	324	8	5	282416	278826	176395	213081	251116	274619	232187	215077	230438	217857	251504	211654
AT3G07040.1	RPM1, RPS3 - NB-ARC domain-containing disease resistance protein	4.04E-01	1.27	50	2	1	6569	18984	5875	9717	8532	5902	7255	7869	7122	9363	20294	18833
AT3G58500.1	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	4.04E-01	1.11	458	11	1	118191	94001	81746	99934	101016	108081	119301	109040	109232	73617	145810	111992
AT5G15450.1;AT4G14670.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	4.05E-01	1.15	1837	36	31	2016297	2007224	3478001	3524450	1940094	2105061	2424371	2473221	2132542	2170490	2109956	1791994
AT4G28860.1;AT4G28880.1	ckl4 - casein kinase I-like 4	4.05E-01	1.39	74	2	1	1130	1051	1014	686	3359	1050	1204	407	1012	1067	1080	1202
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	4.06E-01	1.06	579	13	13	752115	760735	738986	833062	692769	756581	715020	750145	731552	747187	1020223	844297
AT1G79350.1	EMB1135 - RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	4.07E-01	2.95	29	1	1	115	3760	35	75	670	1498	0	1643	0	0	5707	10824
AT1G51730.1	Ubiquitin-conjugating enzyme family protein	4.07E-01	1.10	95	2	2	38168	40832	51005	59297	43741	51657	42498	41901	59079	56784	46329	65509
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	4.07E-01	1.10	354	6	4	270828	288891	339354	375044	263948	261324	307848	352658	325319	302241	185842	161993
AT2G14820.1	NPY2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	4.08E-01	1.72	33	1	1	179409	203192	102493	111886	90452	144201	84617	100317	125842	129550	488736	498434
AT2G47610.1;AT3G62870.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	4.08E-01	1.46	73	3	3	56713	57821	66799	63676	63520	57841	51550	48597	48828	56076	161431	167936
AT1G20620.1;AT1G20620.2;AT1G20620.4;AT1G	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	4.09E-01	1.02	2076	32	25	26034575	24817237	24473159	25487495	25576580	26931590	24832467	24484414	23839481	23507544	27875558	25231660
AT2G12830.3;AT2G12230.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	4.09E-01	1.13	36	1	1	14433	10241	9447	5996	10936	7963	2666	4882	7890	7312	16478	12844
AT4G32960.1	unknown protein	4.12E-01	1.08	70	1	1	26772	31296	27975	30638	21312	28190	25305	33422	28196	25994	22949	17972
AT5G46210.1	CUL4, ATCUL4 - cullin4	4.13E-01	1.15	57	2	2	13259	11953	12172	4948	11543	11587	14748	17008	9366	9229	14902	10272
AT1G13430.1	ATST4C, ST4C - sulfotransferase 4C	4.13E-01	1.14	27	1	1	11566	16375	5550	5041	6833	6306	3186	3989	3755	3557	10125	20752
AT1G80000.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	4.14E-01	1.44	51	2	2	11459	7905	11785	6867	9394	8473	8431	6813	8392	7703	21261	27756

AT3G25690.1;AT3G25690.3	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	4.14E-01	1.16	668	13	12	482363	478160	377949	403901	447874	459645	344785	383960	449159	477904	763038	655058
AT1G68530.1	CUT1, POP1, CER6, G2, KCS6 - 3-ketoacyl-CoA synthase 6	4.14E-01	1.01	23	1	1	4751	2601	1688	0	5161	5122	5549	4740	2247	1564	2362	2719
AT5G49640.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736; Fi	4.15E-01	1.08	24	1	1	130079	115474	124843	99727	114468	85822	119289	117913	79898	106015	92107	106271
AT1G13360.1	unknown protein	4.15E-01	1.41	45	1	1	46582	37873	26699	23201	18553	29794	23972	22584	21531	37796	84422	67038
AT2G46170.1	Reticulon family protein	4.15E-01	1.15	29	1	1	173092	170020	98241	87589	127089	149571	170480	150903	129006	137848	55495	56683
AT3G24490.1	Alcohol dehydrogenase transcription factor Myb/SANT-like family protein	4.16E-01	2.13	136	2	2	11646	10465	7437	6383	15830	10115	3078	5261	18804	16897	44028	43904
AT5G43990.2	SUVR2, SDG18 - SET-domain containing protein lysine methyltransferase family protein	4.16E-01	8.35	73	1	1	888	4361	0	0	0	1947	0	3636	0	2389	22657	31384
AT4G17100.1;AT4G17100.2	unknown protein	4.16E-01	1.18	65	2	1	6462	7550	3216	6623	8084	7682	6266	7444	4978	8599	2025	4391
AT3G07660.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	4.16E-01	1.37	120	2	2	108194	92129	65585	67338	71884	70358	68945	59166	65415	77960	166671	215382
AT2G29550.1	TUB7 - tubulin beta-7 chain	4.16E-01	1.05	3446	59	3	436803	481305	348311	367058	504180	467806	484924	498266	466484	448222	447377	399532
AT1G25490.1	RCN1, REGA, ATB BETA BETA, EER1 - ARM repeat superfamily protein	4.17E-01	1.05	500	11	6	255868	239721	167713	173558	240819	237549	243457	228363	231683	219237	227954	234837
AT5G53580.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.17E-01	1.11	100	2	2	38631	23892	27994	20977	25738	30971	38674	37617	31219	25475	10442	8278
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH:cytochrome B5 reductase 1	4.17E-01	1.07	91	2	2	126257	123852	133929	136636	166270	152829	150352	157043	134096	116909	133053	93311
AT5G56360.1	PSL4 - calmodulin-binding protein	4.18E-01	1.64	622	11	10	413924	431028	381864	356209	391136	410770	261768	247421	408645	417061	1238082	1346032
AT4G24190.1	SHD, HSP90.7, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	4.19E-01	1.21	2148	34	31	5845538	5679353	4717293	4910045	6170495	5972529	4322959	4493588	5709689	5764204	10508563	9418072
AT1G02475.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	4.19E-01	1.10	33	1	1	20820	20034	15862	13588	18960	20687	15651	19194	16262	20371	9560	18891
AT2G40770.1	zinc ion binding;DNA binding;helicases;ATP binding;nucleic acid binding	4.20E-01	1.07	28	1	1	4262	4648	8903	10144	4123	2233	6355	3469	3710	16446	1461	611
AT3G01660.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.20E-01	1.09	250	6	6	213972	211351	268430	290654	268850	251476	279778	294218	266494	269227	139267	125583
AT1G08420.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	4.21E-01	1.09	782	17	5	250933	242227	347403	362853	284534	258219	299304	289569	310644	294644	196081	209301
AT4G17530.1;AT2G22290.1;AT3G09910.1;AT5G(	RAB1C, ATRAB1C, ATRAB8D2C - RAB GTPase homolog 1C	4.22E-01	1.05	464	8	6	736186	726803	614357	667202	768523	766019	748296	756637	737456	695177	556981	568387
AT3G11230.1	Yippee family putative zinc-binding protein	4.22E-01	1.64	52	2	2	17738	18028	10526	11250	13178	11910	10106	9359	11679	12926	50054	41367
AT1G47710.1	Serine protease inhibitor (SERPIN) family protein	4.23E-01	1.10	36	1	1	7742	10182	7349	11269	11268	9631	9565	10251	5826	10788	10025	5560
AT5G61790.1	CNX1, ATCNX1 - calnexin 1	4.24E-01	1.29	1016	21	14	2360931	2366823	1674321	1838771	2309614	2516050	1652432	1666885	2144631	2221016	4818027	4399705
AT3G50500.1;AT3G50500.2;AT5G66880.1	SPK-2-2, SNRK2-2, SNRK2.2, SRK2D - SNF1-related protein kinase 2.2	4.24E-01	1.21	66	2	2	56306	67715	47863	42607	60973	64399	54536	49356	56330	44927	92102	113145
AT5G61140.2	U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase	4.24E-01	1.26	76	2	2	23466	25581	29084	28939	31072	32604	24072	30851	23921	22377	57731	56438
AT4G17210.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	4.25E-01	1.10	23	1	1	57262	48875	59884	53097	44937	42430	46058	48575	48047	53233	81403	61132
AT5G50870.1	UBC27 - ubiquitin-conjugating enzyme 27	4.26E-01	1.18	21	1	1	19573	27837	16458	18275	15211	19063	21982	27703	12119	17534	31754	26780
AT5G03520.1;AT5G03520.2	ATRAB8C, ATRABE1D, ATRAB-E1D, RAB-E1D, RAB8C - RAB GTPase homolog 8C	4.26E-01	1.24	201	4	1	14210	18103	15324	10873	19891	13656	28532	30140	15495	14645	10800	14254
AT4G31850.1	PGR3 - proton gradient regulation 3	4.27E-01	1.30	28	1	1	39424	28564	37877	36228	33631	41875	29776	33852	30190	31815	80150	76146
AT3G49870.1;AT5G67560.1	ATARLA1C, ARLA1C - ADP-ribosylation factor-like A1C	4.28E-01	1.08	74	1	1	61317	81216	48332	64313	77835	68990	72929	68831	58715	64558	86306	81710
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	4.29E-01	1.12	65	1	1	11063	13735	15643	16761	10828	10649	12316	14134	9606	17677	16947	17274
AT3G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYRE-F) (UMPS)	4.29E-01	1.07	66	1	1	45310	43304	46906	46835	55409	43306	57410	60363	49889	52106	41037	40914
AT3G15220.1	Protein kinase superfamily protein	4.29E-01	1.46	56	2	2	10950	7899	6541	6633	8570	7298	5709	6067	7652	7144	19119	24228
AT4G00830.1;AT4G00830.4	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	4.30E-01	1.40	74	2	2	72093	72780	72482	75518	65239	57954	48576	41845	88073	74582	174049	153632
AT1G16190.1	RAD23A - Rad23 UV excision repair protein family	4.30E-01	1.14	140	4	3	860042	1007612	815178	923644	746825	788911	701428	656609	1009606	928290	1278412	1298888
AT2G28390.1	SAND family protein	4.31E-01	1.15	64	1	1	30610	24217	15421	16156	22896	17023	16941	20308	18988	21821	32170	35450
AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	4.31E-01	1.12	115	2	1	7383	17382	29395	18718	16784	13016	16045	18472	26704	16853	14036	23304
AT3G57610.1	ADSS - adenylosuccinate synthase	4.32E-01	1.11	24	1	1	11707	7108	9686	7680	9249	6719	8871	9158	8925	7154	4629	8167
AT5G42470.1	unknown protein	4.32E-01	1.06	133	4	4	96010	79741	90676	81961	87342	93755	88939	89920	100822	89528	63703	68699
AT4G35090.1	CAT2 - catalase 2	4.33E-01	1.05	1087	22	12	2390655	2441489	2693510	2798099	3186700	3100934	2498863	2448996	2710533	2732203	2684908	2759036
AT1G29220.1	transcriptional regulator family protein	4.34E-01	1.30	89	2	1	23583	20482	20230	24312	27486	19549	20445	13646	22308	25370	47476	47147
ATCG00680.1	PSBB - photosystem II reaction center protein B	4.34E-01	1.29	60	2	2	13313	13696	5185	4111	7422	13638	21147	17761	6858	12182	10931	5224
AT1G04430.1;AT3G23300.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.34E-01	1.16	111	2	1	4123	5530	5773	7434	11032	8509	8780	10741	5387	4840	2813	3941
AT3G16830.1	TPR2 - TOPLESS-related 2	4.35E-01	1.07	399	11	4	199523	189346	141384	141347	187644	174959	183716	163608	179150	169846	141572	125274
AT3G61470.1	LHCA2 - photosystem I light harvesting complex gene 2	4.36E-01	1.26	72	1	1	159406	207829	90772	132415	194712	211841	307570	300819	200658	230347	96817	124600
AT5G19150.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	4.36E-01	1.61	23	1	1	35386	21224	13394	13344	24297	18565	16560	12990	16442	19714	60475	76453
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	4.36E-01	1.45	598	15	15	546554	541768	592776	556564	616429	624034	422391	422780	536772	556252	1577831	1531665
AT5G55893.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa ·	4.37E-01	1.39	28	1	1	522	2482	2872	2014	850	1139	1351	1165	1750	1347	180	1292
AT3G14660.1	CYP72A13 - cytochrome P450, family 72, subfamily A, polypeptide 13	4.37E-01	1.28	47	1	1	1460	2055	767	93	1555	2820	3194	2360	1793	2316	489	1014
AT4G16100.1	Protein of unknown function (DUF789)	4.37E-01	1.21	24	1	1	127506	80623	45052	47262	93368	70893	87369	69830	76845	71857	33552	43170
AT5G47930.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	4.38E-01	1.11	180	3	1	13322	16726	10917	18174	17874	16240	3456	16682	10358	15673	20971	16739
AT1G54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	4.38E-01	1.23	82	1	1	16936	15229	13352	13888	14144	14794	11711	12358	17299	12496	22285	32892
AT5G41790.1	CIP1 - COP1-interactive protein 1	4.40E-01	1.46	1661	29	28	2444270	2394305	2014315	2199799	2042962	2036419	1591071	1662020	1948310	2052217	6282866	5625003
AT3G16640.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	4.40E-01	1.16	206	3	3	53928	71910	102521	137243	94276	88299	94402	102243	99833	89253	45792	41085
AT5G66055.1	EMB16, EMB2036, AKRP - ankyrin repeat protein	4.41E-01	3.56	30	1	1	1414	4117	847	3765	2336	4047	304	1705	5446	3663	25447	22268
AT3G18580.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	4.42E-01	1.94	59	2	2	56101	58464	31759	33517	39992	41787	26983	25409	38573	42157	212106	161651
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	4.42E-01	1.05	485	10	10	388907	412303	396258	391621	383740	379547	451571	426186	400626	367213	312686	287581
AT4G12740.1	HhH-GPD base excision DNA repair family protein	4.43E-01	1.08	28	1	1	25442	22845	17686	17865	18735	25358	22244	20277	23117	20715	30851	20681
AT3G45690.1	Major facilitator superfamily protein	4.44E-01	1.68	21	1	1	23700	21729	14335	20065	14907	12800	10781	11268	17097	18558	69045	54258
AT5G64100.1	Peroxidase superfamily protein	4.44E-01	49.70	28	1	1	49	0	0	0	299	353	44	0	22233	12533	15	0
AT2G34620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	4.45E-01	1.21	76	2	2	22988	24403	29313	29721	28243	24802	41112	35078	43299	36995	20298	16477
AT1G54030.1	MVP1 - GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	4.45E-01	1.07	217	5	5	160663	147658	143636	166780	159770	161096	175779	170732	195961	174989	162067	122234
AT1G51160.1	SNARE-like superfamily protein	4.45E-01	1.60	28	1	1	1848	2078	1628	278	2571	2979	3572	2777	351	2296	4420	4743
AT1G27450.3	APT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	4.46E-01	1.09	96	2	2	19908	22186	20641	21443	15815	15068	22410	20753	19222	21206	11239	10435
AT5G64580.1	AAA-type ATPase family protein	4.47E-01	1.12	20	1	1	7168	6163	5398	8482	7994	11129	8251	7689	6623	8361	4672	5616
AT4G27585.1;AT5G54100.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	4.48E-01	1.14	243	4	4	145650	138399	116418	109196	118870	108299	105464	99416	124897	123869	192961	195553
AT1G33410.2	SAR1 - SUPPRESSOR OF AUXIN RESISTANCE1	4.48E-01	1.08	25	1	1	5121	5757	5236	4849	5894	5937	5861	6834	6589	5938	2516	2684
AT3G10950.1;AT3G60245.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	4.48E-01	1.28	63	1	1	4315	4988	6711	7450	2703	1312	1315	3639	1020	2713	5933	6859
AT4G39330.1	ATCAD9, CAD9 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	4.49E-01	1.24	43	1	1	5254	4620	6593	8315	5068	6028	4573	5822	6634	4425	12238	10714
AT3G15690.1	Single hybrid motif superfamily protein	4.52E-01	1.25	36	1	1	81839	62129	159561	198006	89500	80158	94972	81168	115599	119657	67226	57319
AT5G34828.1	Plant thionin family protein	4.52E-01	1.18	25	1	1	21900	30297	13755	25904	25054	31238	34105	35078	21120	19308	44958	20526
AT5G56290.1	PEX5, ATPEX5 - peroxin 5	4.52E-01	1.17	57	1	1	8584	10948	21676	13148	18258	15114	16499	15184	12557	12268	9311	9302
AT2G27900.1	unknown protein	4.53E-01	1.34	77	2	1	7431	7143	2565	1554	6652	7856	6649	4510	3673	6898	1367	1654
AT3G10050.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	4.54E-01	1.09	270	6	6	67278	83347	113127	128291	85593	77333	119616	121419	102854	100367	91644	71173
AT5G22650.2	HD2B, HDT02, HDT2, ATHD2B, HDA4, HD2 - histone deacetylase 2B	4.54E-01	1.07	34	1	1	37717	32503	36797	34594	33270	27016	15778	14018	35082	30114	53464	39800
AT1G69390.1	ATMINE1, MINE1, ARC12 - homologue of bacterial MinE 1	4.54E-01	2.35	23	1	1	15427	13519	18343	11641	17825	15231	7905	7837	19828	11725	86863	81970
AT1G72170.1	Domain of unknown function (DUF543)	4.54E-01	1.07	48	1	1	18857	16878	20571	15852	27887	23387	25756	22411	19565	18442	22740	22682
AT2G16070.2	PDV2 - plastid division2	4.56E-01	1.42	118	2	2	126469	157638	97560	108442	120188	132462	91627	81903	119352	122933	283088	358309
AT1G32150.1	bZIP68, AtbZIP68 - basic region/leucine zipper transcription factor 68	4.56E-01	1.92	45	1	1	8772	13005	8399	9742	7993	7379	5081	5644	7853	9833	42039	35801
AT4G33220.1	PME44, ATPME44 - pectin methylesterase 44	4.56E-01	1.11	42	2	2	53307	30596	45527	70239	38020	39351	34347	42619	49442	58223	67686	56148
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	4.57E-01	1.19	1133	18	18	25708634	20366468	22751099	22154388	19730966	18024577	16920166	15047097	24318766	23691926	37326069	36251583
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	4.58E-01	1.07	283	7	7	1089469	1047586	1363981	1539373	1041625	1197203	1220742	1180921	1232982	1194066	1084830	883208
AT5G40810.1	Cytochrome C1 family	4.58E-01	1.04	36	1	1	61755	62047	51694	56386	68149	55183	63630	57169	53594	52719	61819	51422
AT3G10350.1;AT3G10350.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.58E-01	1.07	226	6	5	136422	139480	157961	199957	148994	170397	142668	142475	167546	162774	213079	194564
AT1G03530.1	ATNAF1, NAF1 - nuclear assembly factor 1	4.58E-01	1.81	36	1	1	8201	8739	7846	9954	10296	6138	2821	6444	12060	10242	28866	32129
AT3G18860.1;AT3G18860.2	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	4.59E-01	1.23	154	3	3	55748	63316	40044	43457	53202	52649	40436	48763	46018	44799	103713	94947
AT5G20570.1	ROC1, RBX1, HRT1, ATRBX1 - RING-box 1	4.59E-01	1.08	56	2	2	97610	80494	59705	72292	78934	76767	82120	78842	82446	63298	89500	104758
AT5G42090.1	Lung seven transmembrane receptor family protein	4.59E-01	1.12	29	1	1	12162	7457	7373	14194	9979	9779	12574	10377	8364	9433	7580	5918
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	4.60E-01	1.06	220	4	4	143480	163554	180238	211561	154363	166461	186092	157772	148465	144203	183061	142364
AT2G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	4.60E-01	1.09	58	2	1	10910	13703	10932	13868	9390	12827	15093	8941	10842	9610	5563	15958
AT5G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	4.61E-01	1.05	1221	21	21	2327614	2486454	1725347	1966607	2285027	2287286	2068087	2153394	2163326	2221359	2576111	2529378
AT5G05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	4.61E-01	1.03	909	16	16	1302170	1311896	1300853	1401320	1469728	1466567	1459453	1413514	1321129	1224694	1317232	1299238
AT5G07920.1	DGK1, ATDGK1 - diacylglycerol kinase1	4.61E-01	1.12	30	1	1	12324	6345	7866	8649	7865	6789	8432	13867	9077	9821	6578	7887
AT5G16880.1;AT5G16880.3	Target of Myb protein 1	4.61E-01	1.15	596	9	9	1143237	1294051	1068896	1223143	1160469	1185446	1037127	1003877	1114189	1116680	2018640	1844433
AT2G21385.1;AT2G21385.4	unknown protein	4.63E-01	1.03	20	1	1	47068	39340	48887	48282	44455	41471	48917	44215	49453	45800	46811	42733

AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	4.64E-01	1.05	160	2	2	143696	129119	100921	106445	88209	88289	45156	52540	66514	74040	216229	173880
AT2G26570.1;AT1G45545.1;AT4G33390.1	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	4.65E-01	1.32	808	18	18	703244	759319	525358	485131	587265	576078	464330	440171	556404	594949	1384390	1375768
AT3G25920.1	RPL15 - ribosomal protein L15	4.65E-01	1.16	65	1	1	12920	7626	14489	11198	11180	8717	10685	9168	10123	9930	17184	19304
AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family protein	4.67E-01	1.30	1101	19	3	377536	370204	303812	351522	388521	396191	266379	271373	365004	353962	817792	779834
AT1G10610.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	4.67E-01	1.09	34	1	1	609972	669165	1013371	805295	719586	624019	1047920	946887	875021	483224	319241	416561
AT4G19006.1	Proteasome component (PCI) domain protein	4.67E-01	1.07	203	5	2	99822	87200	51564	57827	81659	78280	68022	77485	76746	83182	104051	81032
AT4G30810.1	scpl29 - serine carboxypeptidase-like 29	4.68E-01	1.08	108	2	2	32109	29510	38553	30129	39470	38759	41608	44541	37519	38924	13593	17191
AT4G33670.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.69E-01	4.77	27	1	1	10921	7628	3971	1852	11614	11197	2938	4304	8263	2482	136031	70974
AT5G48230.2	EMB1276, ACAT2 - acetoacetyl-CoA thiolase 2	4.69E-01	1.07	32	1	1	32372	27886	63123	56136	28997	24523	35179	43669	64088	59933	9457	5138
AT4G36690.3;AT4G36690.1	ATU2AF65A - U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	4.69E-01	1.70	110	2	2	322678	342931	196258	233519	241199	293797	193872	182479	220167	227781	1022623	925016
AT1G20450.1	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	4.70E-01	1.69	755	16	14	2325732	2675294	1914450	2059748	2252274	2364508	1548609	1556555	1957429	1906491	8353421	7637258
AT4G02640.1	BZO2H1, ATBZIP10 - bZIP transcription factor family protein	4.71E-01	1.14	41	1	1	6682	15201	3682	5774	4431	12922	795	1629	1844	6164	24567	20475
AT1G72180.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	4.71E-01	1.40	20	1	1	11750	19790	8853	8688	8307	3868	4491	10714	11254	8161	30243	20882
AT3G33530.2	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	4.71E-01	1.30	71	2	2	76896	64584	66971	48031	75143	66053	56772	44993	65039	60967	130454	158989
AT1G76450.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	4.71E-01	1.15	64	2	2	40617	33036	74565	70148	48918	46794	50267	56660	52002	48164	34696	31451
AT5G10370.1	helicase domain-containing protein / IBR domain-containing protein / zinc finger protein-related	4.72E-01	1.20	28	1	1	1129363	1099212	901955	853512	846607	917946	717093	715857	1015956	1038184	1847015	1586095
AT2G43680.2;AT2G43680.1	IQD14 - IQ-domain 14	4.72E-01	1.07	112	4	3	13251	18598	19257	19340	17786	20146	14658	13385	13348	14033	20791	24687
AT2G03150.1	emb1579 - ATP/GTP-binding protein family	4.73E-01	1.56	86	3	2	26410	25726	15598	17830	26867	25907	11704	13825	25590	29671	62535	71910
AT5G02940.1	Protein of unknown function (DUF1012)	4.73E-01	1.07	49	1	1	64987	49480	53785	66141	73746	55707	63847	73076	49714	49606	60267	43260
AT2G41960.1	unknown protein	4.73E-01	1.32	50	2	1	4943	737	5456	0	1172	4587	619	3488	1842	237	9089	7070
AT5G62790.2;AT5G62790.1	DXR - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	4.74E-01	1.09	85	3	2	20337	20138	16975	16139	16085	15034	20295	16601	16278	14624	25543	20473
AT2G39110.1	Protein kinase superfamily protein	4.74E-01	1.18	68	2	1	20779	5690	12665	6270	13107	11190	19094	10167	21485	14683	7988	9007
AT3G53890.1;AT5G27700.1	Ribosomal protein S21e	4.75E-01	1.16	61	1	1	10735	22262	25480	29291	18790	24998	24074	22510	17407	27882	15920	6042
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	4.75E-01	1.42	1584	27	16	4229944	4597861	3777213	3964272	3799652	4176628	2881951	2777581	3952125	4025963	10842315	10256778
AT1G53320.1	AtTLP7, TLP7 - tubby like protein 7	4.75E-01	1.13	22	1	1	88043	111599	55415	50917	68443	67893	96176	81537	67534	77080	44332	24694
AT5G23150.1	HUA2 - Tudor/PWWP/MBT domain-containing protein	4.76E-01	2.18	67	2	1	10466	10673	6265	6374	8381	7764	4375	4609	6540	8816	46774	37739
AT1G07510.1	ftsh10 - FTSH protease 10	4.76E-01	4.18	46	2	1	0	0	2405	3607	364	571	0	772	319	570	0	0
AT5G54690.1	GAUT12, LGT6, IRX8 - galacturonosyltransferase 12	4.76E-01	1.26	24	1	1	4180	8630	8038	1551	5057	3354	7736	4288	2322	5106	11601	7770
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	4.77E-01	1.04	136	3	3	540443	481918	603540	688722	653263	653041	583532	579069	643468	605203	725449	646405
ATCG00020.1	PSBA - photosystem II reaction center protein A	4.77E-01	1.26	78	1	1	61434	61194	22731	22244	40298	53112	93367	82618	50891	46848	25192	31146
AT5G52960.1	unknown protein	4.77E-01	2.04	20	1	1	410	630	551	62	1793	1265	1011	1553	103	1721	375	4842
AT1G56180.1	unknown protein	4.78E-01	2.55	28	1	1	4659	2629	3306	1983	2463	4938	1336	3278	1378	3912	20158	20819
AT5G41140.1	Myosin heavy chain-related protein	4.79E-01	1.28	61	1	1	9138	12356	32072	16199	9328	8122	5689	8804	7200	17326	11389	17872
AT5G56000.1	Hsp81.4, AtHsp90.4 - HEAT SHOCK PROTEIN 81.4	4.79E-01	1.39	1497	28	1	15352	18115	9416	5797	17399	13492	8896	8514	13522	12625	27206	40066
AT5G05000.1	TOC34, ATTOC34, OEP34 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 34	4.81E-01	1.11	42	1	1	37560	33449	34701	32625	39856	37035	43102	34444	43824	27354	56352	33653
AT1G47200.1;AT5G43070.1	WPP2 - WPP domain protein 2	4.82E-01	1.11	457	7	7	514827	496189	473867	524977	417937	477680	391665	398465	488225	553727	720883	677923
AT2G31660.1	SAD2, URM9 - ARM repeat superfamily protein	4.82E-01	1.24	583	10	8	858964	949527	588034	671910	733667	751647	591442	569532	732778	743016	1585169	1433375
AT3G14180.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	4.83E-01	1.30	73	2	2	25409	25196	27409	26190	35322	28936	24281	18716	26871	26134	56119	66772
AT5G40160.1	EMB139, EMB506 - Ankyrin repeat family protein	4.83E-01	1.09	58	2	2	39781	28089	29629	23219	35982	24148	36522	31562	31531	38563	6871	20309
AT1G41880.1;AT3G55750.1	Ribosomal protein L35Ae family protein	4.84E-01	1.05	54	1	1	14121	13511	14678	14237	14139	16369	13191	13682	10176	11890	14603	19361
AT4G08870.1	Arginase/deacetylase superfamily protein	4.84E-01	1.09	39	1	1	27914	18564	30936	34657	23127	23864	24082	21984	26355	29151	37298	34819
AT1G52400.1;AT1G52400.2;AT1G75940.1	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	4.86E-01	1.03	314	7	7	289260	309134	271164	292848	263139	272521	300844	286435	294698	282153	233300	246241
AT1G43170.1;AT1G43170.4	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	4.88E-01	1.08	65	2	2	27669	24755	37541	34275	35037	36851	24989	28684	21160	27153	40985	39077
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	4.88E-01	1.08	218	5	5	169110	181657	183111	197006	174103	175938	222855	235335	213311	189088	161317	142506
AT4G33460.1	ATNAP13, EMB2751 - ABC transporter family protein	4.88E-01	2.73	24	1	1	778	924	0	0	1451	967	147	1315	5333	2292	2165	0
AT1G75850.1	VPS35B - VPS35 homolog B	4.89E-01	1.07	80	2	1	37928	39382	11737	9889	27246	31737	27542	20955	28622	29796	36668	25361
AT5G01010.3;AT5G01010.4	unknown protein	4.89E-01	1.09	116	3	3	71601	62511	41412	42841	61510	57612	54006	55728	55732	52140	41035	50567
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	4.89E-01	1.08	211	3	3	63014	58484	87946	78535	79291	77229	89801	101653	68521	67253	51830	33705
AT3G01500.2;AT3G01500.3	CA1 - carbonic anhydrase 1	4.89E-01	1.75	2500	37	1	21016	21975	38568	39166	19217	23210	64514	58844	69060	72004	13999	7345
AT1G03310.1	ATISA2, ISA2, DBE1, BE2 - debranching enzyme 1	4.89E-01	1.04	867	18	17	1047682	1074036	814435	914206	1109072	1167881	1155290	1186600	1065082	1046746	1028809	919039
AT2G14800.1	unknown protein	4.90E-01	1.08	30	1	1	71761	85842	70614	71642	62673	67200	86857	80104	92674	75078	53264	74892
AT1G32790.1;AT3G14450.1;AT3G49390.1;AT4G:	CID11 - CTC-interacting domain 11	4.90E-01	1.06	70	3	3	86762	109478	70243	86551	94973	91434	74995	72647	69448	80320	107739	101521
AT5G52530.1	dentin sialophosphoprotein-related	4.90E-01	1.36	34	1	1	19658	12413	10965	12435	13212	10088	11798	9185	10452	11660	27010	36653
AT3G05560.1	Ribosomal L22e protein family	4.91E-01	1.06	123	3	2	83630	89685	70039	72315	66642	67164	50303	51323	57636	57499	99603	106375
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	4.92E-01	1.06	1433	30	30	7218737	6744235	8894287	9221947	7160259	7018953	8382758	7991714	7789260	7590358	6138719	5797049
AT3G43540.1;AT3G43540.2	Protein of unknown function (DUF1350)	4.92E-01	1.05	178	4	4	169013	150132	210913	234710	233162	214940	207088	222525	212085	196945	231410	198282
AT1G78180.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	4.94E-01	1.06	24	1	1	113068	101482	146598	147757	118068	120215	124243	145456	117060	111897	107205	97891
AT2G31680.1	AtRABA5d, RABA5d - RAB GTPase homolog ASD	4.95E-01	1.05	115	3	1	25757	23153	21532	25622	25250	22710	31123	23198	22124	20986	23334	16564
AT5G45900.1	APG7, ATAPG7, ATG7, ATATG7 - ThiF family protein	4.95E-01	1.44	94	2	2	25647	44038	22213	38409	34482	24751	15788	21463	32882	40932	94705	67608
AT2G32730.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	4.96E-01	1.06	643	12	6	557281	492886	359576	339270	485047	450643	451409	424787	449230	411375	594994	526073
AT5G13210.1	Uncharacterised conserved protein UCP015417, vWA	4.96E-01	3.26	44	1	1	672	471	574	0	0	421	0	192	332	271	3771	2412
AT1G79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	4.97E-01	1.10	89	2	1	23177	13983	28245	22581	22147	19929	28739	24215	17760	20444	14538	12754
AT3G55610.1;AT3G55610.2	P5CS2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	4.98E-01	1.05	322	5	1	99627	112010	79923	112921	90030	112779	99918	108869	108395	88914	118922	111014
AT3G57320.1	unknown protein; Has 30 Blast hits to 30 proteins in 13 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 2; Fungi - 0; I	4.98E-01	1.07	21	1	1	394639	284321	178591	154197	203735	182805	258378	187667	231326	251101	305608	260335
AT1G69960.1	PP2A - serine/threonine protein phosphatase 2A	4.98E-01	1.10	120	4	1	32262	33727	19620	19815	22735	25242	25152	21537	17811	19852	29605	25530
AT5G55310.1	TOP1BETA, TOP1 - DNA topoisomerase 1 beta	4.98E-01	1.07	21	1	1	136809	125609	112769	91888	119692	117509	154205	142826	114413	124561	59521	63498
AT4G04770.1	ATABC1, LAF6, ATNAP1, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	4.98E-01	1.09	65	1	1	9031	12986	17300	16836	14701	15318	13129	23885	10497	15958	4939	10982
AT3G12250.1;AT1G68640.1;AT5G06839.1	TGA6, BZIP45 - TGACG motif-binding factor 6	4.99E-01	1.37	90	2	2	35009	30451	23023	19192	27296	28324	21129	15959	27849	26441	63713	67887
AT5G62670.1	AHA11, HA11 - H(+)-ATPase 11	4.99E-01	1.06	227	3	1	65271	61712	74751	65437	86052	74340	99025	88922	83471	75006	29475	28478
AT3G06530.1	ARM repeat superfamily protein	4.99E-01	2.06	27	1	1	4151	3742	23221	28017	4674	1122	8845	10370	5423	4082	1177	1675
AT4G31490.1	Coatomer, beta subunit	4.99E-01	1.12	1032	19	1	29608	33793	11444	13065	24183	22664	22068	30525	29628	26947	4441	6685
AT2G16730.1	BGAL13 - glycosyl hydrolase family 35 protein	5.00E-01	1.06	27	1	1	85886	68377	74809	73600	67762	57521	74065	76876	78640	63511	57271	54211
AT2G45290.1	Transketolase	5.02E-01	1.10	359	7	1	15266	14061	8154	11753	13963	13210	15656	12657	15433	11179	9058	5788
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	5.02E-01	1.18	211	3	3	255783	182320	238634	173045	188913	172668	186202	151601	183062	190527	360944	355531
AT1G49600.1	ATRBP47A, RBP47A - RNA-binding protein 47A	5.03E-01	1.29	36	1	1	39009	34453	69542	83241	57104	73473	61117	44948	36255	58392	141329	119880
AT1G68940.1	Armadillo/beta-catenin-like repeat family protein	5.03E-01	1.26	20	1	1	374934	396919	228962	278330	306601	312484	219942	231455	313793	326232	687311	621179
AT5G35430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.03E-01	1.08	130	3	3	56112	40948	17401	25826	47076	40760	38908	35074	52605	46998	42380	31045
AT3G60340.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.04E-01	1.07	82	2	2	32576	38444	26160	24823	37405	38202	39123	40561	32693	39469	31565	27545
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	5.04E-01	1.03	613	11	11	828625	776679	645989	631104	755831	818384	757190	749551	758004	723872	783764	823436
AT1G03090.2	MCCA - methylcrotonyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial / 3-methylcrotonyl-CoA carboxylase 1 (MCC	5.05E-01	1.18	28	1	1	610	1098	2461	2037	1026	1155	1561	2218	248	1091	1260	710
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	5.06E-01	1.05	1642	26	13	3879246	3636623	5435289	5183152	4034469	4022956	4957892	4680188	5162347	4733588	3868790	4117702
AT1G79280.1;AT1G79280.2;AT1G79280.3	NUA, AtTPR - nuclear pore anchor	5.07E-01	1.41	1540	39	37	2792881	2488029	2182085	2023960	2210788	2168227	1670973	1520604	2257271	2081876	6354082	5631948
AT2G04030.1	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	5.07E-01	1.03	1281	25	22	2931401	3090956	2802134	3151007	2742499	2983940	3190651	3096771	3207925	3201041	2986746	2565275
AT2G06210.1	ELF8, VIP6 - binding	5.07E-01	1.11	68	2	1	4948	9547	4904	6008	5717	4793	8451	4613	4995	6695	3293	4357
AT1G05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	5.07E-01	1.07	108	3	3	36462	38852	59484	70151	32281	36540	40978	40041	47476	55815	59347	48783
AT1G69540.1	AGL94 - AGAMOUS-like 94	5.08E-01	1.72	21	1	1	176089	100426	63476	83295	94199	96869	61750	64533	76748	93171	428149	331976
AT1G77940.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	5.11E-01	1.08	45	2	2	10716	8648	11759	9182	9865	6534	10205	7616	11405	8644	8567	5864
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	5.11E-01	1.56	34	1	1	67128	66198	46520	48918	55582	53936	35707	37278	50660	51288	191371	162801
AT4G16450.1	unknown protein	5.12E-01	1.07	62	2	2	74449	74100	64920	89442	89200	95331	78467	84135	97142	91116	59474	45641
AT1G78570.1	RHM1, ROL1, ATRHM1 - rhamnose biosynthesis 1	5.13E-01	1.07	348	6	1	20070	16994	19043	12402	19059	18396	18995	13454	10924	12990	21020	21261
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	5.13E-01	1.02	3614	66	46	8193920	8596823	8596077	9117863	8513653	9055723	8842007	9703535	8804468	8907016	8766578	8105163
AT5G27010.1	ARM repeat superfamily protein	5.14E-01	1.10	25	1	1	61009	45445	83679	90374	61065	72179	61767	63333	66986	59130	69259	55759
AT1G26170.1	ARM repeat superfamily protein	5.14E-01	1.05	166	3	3	152860	141159	97788	100626	121371	137995	116193	115214	138983	131536	136532	151863
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-l-glutamate kinase	5.14E-01	1.06	168	4	4	186838	164988	284801	304108	180680	204539	223421	253349	255275	240043	248542	183058
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	5.15E-01	1.09	813	13	11	559862	589341	399514	411018	556327	619481	711051	732245	530905	527892	512097	405454

AT2G16485.1	nucleic acid binding;zinc ion binding;DNA binding	5.15E-01	1.65	185	3	3	55603	51340	34593	38528	41744	47140	24021	30195	41360	42174	153495	152244
AT1G34570.1	Essential protein Yae1, N-terminal	5.15E-01	1.33	95	2	2	37459	35400	24893	32556	27310	28668	21417	23165	27630	30815	77618	66288
AT3G59770.3	SAC9 - sacI homology domain-containing protein / WW domain-containing protein	5.15E-01	1.09	141	3	3	28068	32774	22432	26890	38440	37497	36066	39886	30933	29409	17890	17292
AT4G35470.1	PIRL4 - plant intracellular ras group-related LRR 4	5.15E-01	1.12	33	1	1	7195	4723	5573	5489	7808	7197	9639	9990	5686	5149	5813	6337
AT3G19720.1	ARC5, DRP5B - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.16E-01	1.16	35	1	1	11299	13194	19999	21683	24117	23589	25430	34498	18440	18792	11498	23643
AT4G35830.1	ACO1 - aconitase 1	5.17E-01	1.27	38	1	1	8329	6060	2443	1451	3186	8409	6329	835	4024	6474	1039	4905
AT4G29130.1	ATHXK1, GIN2, HXK1 - hexokinase 1	5.17E-01	1.09	159	3	3	248403	243055	165057	207291	279725	320384	266692	276228	214725	212867	204177	164343
AT1G66080.1	unknown protein	5.17E-01	1.05	94	2	2	27700	30865	28013	28255	29391	29533	36787	30226	31648	34061	24424	26148
AT1G49300.1	ATRAB7, ATRABG3E, RABG3E - RAB GTPase homolog G3E	5.18E-01	1.13	85	3	1	16046	16502	11289	11295	16105	14081	17074	22521	16651	15339	16145	8713
AT1G06190.1;AT1G06190.2	Rho termination factor	5.20E-01	1.32	411	8	7	438788	392416	314790	259847	305055	276946	222561	239333	300392	334951	742981	786079
AT5G01400.1	ESP4 - HEAT repeat-containing protein	5.21E-01	15.04	79	1	1	721	304	246	211	0	614	1261	130	0	428	12168	17546
AT5G17410.1	Spc97 / Spc98 family of spindle pole body (SBP) component	5.22E-01	1.02	37	1	1	3064	3757	371	985	4672	2575	2475	3675	2803	1883	1751	3106
AT4G25050.1	ACP4 - acyl carrier protein 4	5.23E-01	1.03	87	2	1	127224	157755	132474	154559	149844	148189	134274	145100	153182	138635	142088	131246
AT2G45820.1	Remorin family protein	5.23E-01	1.04	194	4	4	187750	150637	169181	137575	160423	151106	162748	150708	170037	166957	123330	142817
AT1G27090.1	glycine-rich protein	5.24E-01	1.08	23	1	1	7018	3112	11305	8496	9458	6956	8987	7215	11229	8079	7338	6995
AT4G35230.1	BSK1 - BR-signaling kinase 1	5.24E-01	1.06	25	1	1	9738	9145	5407	5479	8112	7416	9341	7363	7772	6191	8948	8624
AT4G34490.1	ATCAP1, CAP 1, CAP1 - cyclase associated protein 1	5.25E-01	1.04	294	7	6	160761	188577	214150	228156	180965	220493	226505	241952	191737	209641	188489	187922
AT3G17750.1	Protein kinase superfamily protein	5.26E-01	1.58	90	1	1	18243	24318	7906	11144	17896	30599	7589	15426	12166	21767	48939	67725
AT1G52280.1;AT1G22740.1;AT3G16100.1	AtRABG3d, RABG3d - RAB GTPase homolog G3D	5.27E-01	1.13	120	3	1	21905	20559	10227	9924	24573	20881	21918	21107	20416	18604	8984	4245
AT1G59890.2;AT1G59890.1	SNL5 - SIN3-like 5	5.27E-01	1.32	21	1	1	6628	5737	5023	2087	5697	3777	3911	4240	3021	4125	11555	11447
AT3G51880.1	HMGB1, NFD1 - high mobility group B1	5.27E-01	1.33	80	2	2	20608	24180	16137	21075	19331	19234	16056	12375	18249	20121	45432	48204
AT4G39680.1	SAP domain-containing protein	5.28E-01	2.07	201	6	4	55417	47977	50131	33815	45671	49715	26947	26716	32270	45993	207194	244742
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	5.28E-01	1.08	1701	29	26	14520574	15020475	21204310	21993180	13707941	14458786	18233325	19663966	15797675	16223996	12028918	11087505
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	5.28E-01	1.08	241	5	5	124143	98688	142349	149516	136873	147266	164184	155502	144532	182301	115310	103859
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	5.29E-01	1.32	3772	51	50	82290012	82743791	69957224	72490238	73980132	75909364	52339979	53124240	75074518	73819624	179100415	171071938
AT1G58025.2;AT1G58025.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	5.30E-01	1.54	116	3	3	30671	22230	20424	7973	19574	9308	13182	13141	16067	9801	65870	52108
AT4G20720.1;AT1G05090.1	dentin sialophosphoprotein-related	5.30E-01	1.25	201	4	3	169282	164545	116434	109518	133339	142200	93487	94815	147014	150964	280050	280091
AT1G55020.1	LOX1, ATLOX1 - lipoxygenase 1	5.30E-01	1.09	35	1	1	43201	51795	48756	56265	58759	53755	37913	47397	61503	57465	70655	64839
AT1G11100.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein / zinc finger protein-related	5.31E-01	1.06	43	2	1	27628	25395	25019	22744	22096	19432	28216	18412	21452	22951	28473	15246
AT1G23180.1	ARM repeat superfamily protein	5.32E-01	1.04	579	11	10	501010	488872	342611	386379	458164	456581	470028	464980	416833	436491	501937	439518
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	5.32E-01	1.03	539	12	12	746918	682469	883905	890358	850966	824341	896214	916516	886850	835316	759942	754264
AT1G23950.2;AT1G23950.3;AT1G23970.1	Protein of unknown function (DUF626)	5.32E-01	1.10	34	1	1	8745	6029	7002	4161	8318	6008	5590	7251	6648	5802	8005	10945
AT5G21900.1	RNI-like superfamily protein	5.33E-01	1.28	27	1	1	20222	15560	8640	18848	7942	22676	25338	25908	21842	31031	8524	7975
AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	5.33E-01	1.48	257	6	5	450413	505967	351901	407105	356145	361000	273972	293046	330578	351860	1214921	1131453
AT2G22125.1	CSI1 - binding	5.34E-01	1.09	400	11	11	330129	333933	203782	197743	305415	297586	269580	259591	276665	258260	230422	236126
AT3G24430.1	HCF101 - ATP binding	5.35E-01	1.06	945	17	17	1649299	1755100	2149198	2258575	1815088	1776026	2020261	2047895	1973286	2099864	1393466	1268401
AT3G02090.1;AT3G02090.2	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	5.35E-01	1.10	720	11	11	746938	724910	1293855	1288985	893140	897999	1035447	1019966	911040	897050	782988	661402
AT5G46290.1;AT5G46290.2;AT5G46290.3	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	5.37E-01	1.05	1518	27	26	5186593	5146857	5166314	5091588	5421209	5525898	6234571	6119265	5758326	5769933	4750768	4397542
AT5G17900.1	microfibrillar-associated protein-related	5.37E-01	1.51	82	1	1	18791	26991	17364	24006	15370	24454	14156	14220	19853	16373	71036	55816
AT1G07110.1;AT3G30200.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	5.38E-01	1.04	1113	23	22	2660618	2993575	2338787	2889666	2472308	2761706	2322502	2346026	2391097	2465657	3016206	2985447
AT2G21170.1;AT2G21170.2	TIM, PDTPI - triosephosphate isomerase	5.40E-01	1.18	81	3	2	46051	51829	60502	57614	56214	58908	53188	52614	42077	46409	117298	80208
AT2G27460.1	sec23/sec24 transport family protein	5.42E-01	1.04	246	4	4	86593	81642	72308	72426	91790	109882	90875	101611	86776	91062	78541	86053
AT3G01500.1	CA1, ATBCA1, SABP3, ATSABP3 - carbonic anhydrase 1	5.42E-01	1.06	2542	37	1	106798	104799	140169	174495	121741	130663	165065	159542	127782	135220	133158	105671
AT4G38225.3	unknown protein	5.45E-01	1.06	66	1	1	53111	64594	38305	51969	63839	43269	53414	71775	52772	53940	48862	51786
AT4G15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	5.45E-01	1.06	601	12	12	412979	451343	228843	259211	417962	431051	434510	446496	383674	382802	325919	350174
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	5.46E-01	1.18	420	8	6	136196	151161	304851	348258	205859	152615	182695	214625	191799	203868	184462	123432
AT1G19835.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	5.48E-01	1.12	75	1	1	10213	4610	3675	4878	6246	8216	6242	5754	5879	4532	8817	11020
AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	5.50E-01	1.05	172	5	2	33408	25036	9104	14208	22148	20889	23686	21298	18506	19677	27556	20500
AT4G25100.1	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	5.51E-01	1.09	46	1	1	54550	29830	72035	41416	106005	87396	70533	67334	98693	90542	16436	14398
AT5G13020.1	Emsy N Terminus (ENT)/ plant Tudor-like domains-containing protein	5.51E-01	1.05	70	1	1	124887	115490	91340	103945	94204	100261	94135	92095	67496	77124	142612	125966
AT5G39240.1	unknown protein	5.51E-01	1.10	27	1	1	35365	27707	77257	53114	50561	32874	61470	54125	55915	48815	13808	16599
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	5.51E-01	1.07	540	12	12	326637	322692	415657	503364	330190	323571	404875	384053	354708	356421	324172	254090
AT5G65460.1	KCA2, KAC2 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 2	5.51E-01	1.07	377	10	5	34826	44726	57692	61102	52806	54960	47746	52597	39277	52674	50712	41986
AT3G15000.1;AT1G53260.1	cobalt ion binding	5.52E-01	1.10	157	3	3	206096	215882	233457	250507	222180	240025	196307	215442	217811	199385	336342	333498
AT4G08980.1	FBW2 - F-BOX WITH WD-40 2	5.52E-01	1.11	22	1	1	44257	34932	56831	42453	35209	36317	52502	37091	51622	30368	39328	66453
AT5G18410.1	PIR, KLK, PIR121, SRA1, PIRP, ATSRA1 - transcription activators	5.53E-01	2.72	46	1	1	1100	2757	0	0	387	0	1151	0	0	409	0	0
AT5G19855.1	Chaperonin-like RbcX protein	5.55E-01	1.09	128	3	3	118123	106103	146139	126052	144837	155739	118377	137616	120252	132538	224126	135516
AT1G34760.1	GRF11, GF14 OMICRON, RHS5 - general regulatory factor 11	5.57E-01	1.09	71	2	1	4820	8181	8725	6447	6715	8296	8255	10283	8547	8820	6260	5114
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	5.57E-01	1.04	1438	30	12	800005	748768	877048	881797	826888	809945	955477	932071	903435	896062	792072	674696
AT5G46700.1	TET1, TRN2 - Tetraspanin family protein	5.57E-01	1.47	21	1	1	23564	12342	5298	4904	13973	12284	11481	2926	12107	14876	31494	33697
AT3G17880.1;AT3G17880.2	HIP, ATTDX, ATHIP2, TDX - tetraticopeptide domain-containing thioredoxin	5.59E-01	1.28	371	7	7	829626	805664	642284	717512	685692	756111	546496	529479	682987	673261	1691282	1557674
AT2G37550.1	ASP1, AGD7 - ARF-GAP domain 7	5.59E-01	1.09	39	1	1	4374	6096	5992	9111	4892	7458	4493	6194	3618	5087	5450	9976
AT5G01260.2	Carbohydrate-binding-like fold	5.61E-01	1.08	20	1	1	8441	7427	12063	12014	14775	14336	11468	10167	10977	9902	14517	17889
AT1G53440.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	5.62E-01	1.75	39	1	1	25853	22204	11114	13973	18449	15725	13566	8999	11441	16171	65109	72084
AT1G53165.3;AT1G53165.1	ATMAP4K ALPHA1 - Protein kinase superfamily protein	5.62E-01	1.26	54	1	1	30068	37455	22496	22006	27142	28311	19284	19591	28190	26532	66102	51026
AT5G05230.1	RING/U-box superfamily protein	5.63E-01	1.49	94	1	1	24785	29380	14092	24112	10101	18813	16288	7343	23303	19348	64360	49504
AT2G26990.1	FUS12, ATCSN2, COP12, CSN2 - proteasome family protein	5.65E-01	1.12	724	13	12	2303225	2360083	1264480	1289002	1812726	1824882	1483703	1529842	1762730	1609984	2743151	3035134
AT3G28860.1	ATMDR1, ATMDR11, PGP19, MDR11, MDR1, ATPGP19, ABCB19, ATABCB19 - ATP binding cassette subfamily B1	5.66E-01	1.07	29	1	1	2295	2771	1882	3819	3548	5636	9248	5412	1854	3214	907	699
AT1G68010.1;AT1G68010.2	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	5.67E-01	1.03	397	8	8	263545	269493	274148	279892	289787	274967	327800	299978	235381	235937	260969	248793
AT1G17130.1;AT1G17130.2	Family of unknown function (DUF572)	5.67E-01	2.55	63	2	2	6941	9695	4662	6522	7241	7674	3172	3255	5519	6152	38969	52012
AT5G47690.1	binding	5.68E-01	1.27	193	6	6	160299	145904	148255	119076	153043	146513	109847	98783	137107	133902	306729	326655
AT5G46750.1	AGD9 - ARF-GAP domain 9	5.68E-01	1.13	41	1	1	8469	2893	5777	8872	6296	5744	5962	6347	7396	7982	1625	4457
AT5G47190.1	Ribosomal protein L19 family protein	5.70E-01	1.24	99	2	1	114474	152653	93484	131251	107997	131290	75707	85162	128242	134617	245417	236368
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	5.71E-01	1.05	595	12	12	1284737	1087441	1578549	1600373	1274836	1320775	1546137	1450385	1289829	1265027	1136322	1069279
AT4G14560.1	IAA1, AXR5 - indole-3-acetic acid inducible	5.72E-01	1.11	26	1	1	7274	5503	1966	1094	8653	9013	3758	6067	2527	6054	11745	7129
AT1G77600.2	ARM repeat superfamily protein	5.72E-01	1.06	47	2	1	10378	6686	10407	7379	9997	6129	11688	11686	8687	7497	4761	3553
AT1G77030.1	hydrolases, acting on acid anhydrides, in phosphorus-containing anhydrides;ATP-dependent helicases;nucleic aci	5.72E-01	1.08	21	1	1	1578468	1984134	2324153	2778654	2296870	2892790	2155325	3014629	2146421	2441447	1786856	1321449
AT4G12800.1	PSAL - photosystem I subunit l	5.73E-01	1.08	29	1	1	86486	64812	42517	39132	70360	66379	92068	81429	66144	55579	49858	55455
AT1G65580.1	FRA3 - Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	5.74E-01	1.38	73	1	1	14170	7560	5555	2649	6949	8826	8000	2602	7656	6171	18537	20285
AT1G67000.1	Protein kinase superfamily protein	5.74E-01	1.07	24	1	1	43547	59130	59601	63537	43635	62214	75839	62569	58408	60534	59753	39269
AT1G79010.1	Alpha-helical ferredoxin	5.74E-01	1.19	64	1	1	36225	40931	44233	49270	37206	44087	33323	32127	36109	41828	84200	72016
AT2G40290.1;AT2G40290.2	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	5.75E-01	1.21	324	5	5	382523	392586	310762	334301	365837	346487	259817	243138	365509	356596	716619	645073
AT1G56340.1;AT1G56340.2	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	5.77E-01	1.28	1841	31	21	12025461	12310862	9791049	10855263	10412783	11099997	7166996	7592637	11173258	11257267	25029645	22786749
AT5G60670.1;AT2G37190.1	Ribosomal protein L11 family protein	5.77E-01	1.16	23	1	1	11505	8196	21084	16629	8860	9642	9225	11609	10861	11281	11991	10371
AT4G36210.3	Protein of unknown function (DUF726)	5.79E-01	1.07	23	1	1	1707	1477	2283	2058	2449	2424	2151	2755	1582	2550	2475	1808
AT3G51110.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.80E-01	1.27	24	1	1	2828	8391	4354	11800	2539	4542	4050	7059	7413	3430	1985	3247
AT3G47520.1;AT3G15020.1	MDH - malate dehydrogenase	5.80E-01	1.08	285	7	6	206879	192080	340416	327831	268791	260217	203152	221015	256086	242187	279290	275342
AT3G10600.1	CAT7 - cationic amino acid transporter 7	5.80E-01	3.21	21	1	1	7671	5762	19139	22895	1188	0	6860	7065	3049	518	145	0
AT3G01090.1;AT3G01090.2	AKIN10, SNRK1.1, KIN10 - SNF1 kinase homolog 10	5.81E-01	1.05	327	8	5	132669	124366	114647	131254	162058	150396	154458	162557	144571	129684	100152	86371
AT5G13560.1	unknown protein	5.81E-01	1.03	191	5	5	249653	243918	171314	180675	196982	207384	127946	137488	146308	149770	346590	301429
AT5G65080.1	Thioredoxin superfamily protein	5.82E-01	1.14	158	2	2	35629	43114	55354	61011	48227	45706	68191	61600	55659	75917	37536	30286
AT3G03570.1	Protein of unknown function (DUF3550/UPF0682)	5.82E-01	1.04	107	3	3	63066	63910	27453	28753	41103	73659	45619	60624	54560	53151	44050	50823
AT5G58220.1;AT5G58220.2	TTL - transthyretin-like protein	5.83E-01	1.05	530	9	2	132189	97525	101479	91554	103487	100624	101837	99082	99392	95144	123112	140000
AT5G49830.2	EXO84B - exocyst complex component 84B	5.83E-01	1.13	34	1	1	2797	1643	1190	1330	2109	2871	2543	2310	2119	1624	870	1139
AT5G38600.1	Proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein / zinc knuckle (CCHC-type) family protein	5.84E-01	1.05	29	1	1	40069	43980	32097	34588	40567	30941	31176	22613	35206	30938	41394	50355

AT4G16130.1	ARA1, ISA1, ATISA1 - arabinose kinase	5.84E-01	1.03	479	8	8	330791	356640	281175	279466	348304	353520	317860	337774	307668	297255	338333	286077
ATCG00800.1	structural constituent of ribosome	5.85E-01	1.04	1135	17	16	3203808	2808137	2965321	2615340	3166035	3113769	3334413	3233766	3179204	3083230	2204496	2206772
AT1G06700.1	Protein kinase superfamily protein	5.86E-01	1.17	103	2	1	11288	8940	9717	6695	10014	8424	9042	16515	12996	12946	6297	6418
AT2G27710.1;AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein family	5.86E-01	1.39	1274	15	10	9640064	8761484	7447091	7771164	8089905	7892414	5513823	4815122	8112204	7880385	22446788	20340386
AT1G26910.1;AT1G14320.1;AT1G14320.2	RPL10B - Ribosomal protein L16p/L10e family protein	5.86E-01	1.05	129	3	3	54021	68214	44728	48278	45944	59960	35969	42194	40653	36487	72712	78464
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 - homologue of NAP57	5.87E-01	1.46	387	6	5	324692	317439	172719	166593	231145	229071	152169	141929	198807	222005	692994	699131
AT5G66420.2	unknown protein	5.87E-01	1.05	96	4	4	184469	203362	217782	174530	204020	168656	218708	213537	231251	184684	149680	212943
AT2G19740.1	Ribosomal protein L31e family protein	5.89E-01	1.31	22	1	1	93656	105043	59490	69874	86716	89115	56437	54890	81047	77899	170182	220856
AT4G30000.1;AT4G30000.2	Dihydropterin pyrophosphokinase / Dihydropteroate synthase	5.89E-01	1.06	41	1	1	4484	6629	7614	7821	8085	6202	9966	6237	8040	5447	5583	3156
AT5G42950.1	GYF domain-containing protein	5.90E-01	1.08	45	2	2	172092	151602	155689	164085	164862	187455	176275	150610	137306	153978	260846	196272
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	5.91E-01	1.05	167	4	4	204530	226503	281527	331982	235853	247037	235773	243648	253304	247527	251793	217382
AT1G51560.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	5.91E-01	1.07	137	3	3	66799	54801	89497	80532	80730	71254	84967	85661	67834	60129	103725	70481
AT1G04350.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	5.92E-01	1.11	96	3	3	15530	15898	22228	21820	19904	15062	23220	24137	23940	24220	11926	15023
AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	5.94E-01	1.28	612	11	11	1277174	1156259	766240	877787	958469	1097643	723478	716602	886686	945492	2435555	2161756
AT5G16590.1	LRR1 - Leucine-rich repeat protein kinase family protein	5.95E-01	1.14	109	1	1	18720	35458	23205	32143	25072	32889	36029	33647	15288	33575	45679	26302
AT5G35790.1;AT1G24280.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	5.96E-01	1.05	236	5	5	203727	195312	199470	273121	174262	230464	205835	217923	193956	186697	212619	201748
AT1G80410.1	EMB2753 - tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	5.96E-01	1.06	50	2	2	6702	5878	5922	4916	7260	8020	7270	6590	5757	5631	4941	6462
AT3G60830.1	ATARP7, ARP7 - actin-related protein 7	5.96E-01	1.08	59	2	2	28707	25603	20035	24826	26677	29034	32471	21967	26078	25572	39791	21572
AT2G32060.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	5.98E-01	1.09	81	1	1	154606	174542	169094	213356	96821	134441	106375	104424	131944	141530	199482	184013
AT5G58070.1	ATTIL, TIL - temperature-induced lipocalin	5.98E-01	1.09	98	3	3	100636	101792	135971	146777	106151	111790	156741	161741	135745	128209	90119	91329
AT1G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	5.99E-01	1.04	504	10	4	206135	231968	187140	193074	240290	216653	204008	227285	229115	228852	161128	181300
AT2G41740.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	6.00E-01	1.04	845	15	14	1386632	1528388	1096174	1189504	1068316	1092229	880204	921187	947448	968225	1773939	1558295
AT1G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein	6.03E-01	1.21	51	1	1	5436	8155	10973	19490	10706	5791	10416	10314	8628	9216	4951	6691
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	6.03E-01	1.06	190	3	3	89783	96997	92316	120413	99409	112149	109679	126795	124109	112367	106222	71561
AT2G35530.1	bZIP16, AtbZIP16 - basic region/leucine zipper transcription factor 16	6.03E-01	1.69	95	3	3	34308	34760	25964	33934	35675	33839	15220	18711	26393	39791	122042	114239
AT5G16300.1;AT5G16300.4	VpsS1/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	6.04E-01	1.04	63	1	1	6318	4917	714	918	4590	4864	2188	3072	3172	4784	3659	4559
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	6.04E-01	1.33	186	3	3	261059	274457	159819	154248	234260	215540	129530	135478	207434	216209	540016	505787
AT3G01040.1	GAUT13 - galacturonosyltransferase 13	6.04E-01	1.08	26	1	1	31490	34931	20929	28761	35936	42047	33651	33404	28993	26285	29902	27808
AT5G35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	6.05E-01	1.02	218	5	1	36673	34249	36483	37030	36290	40741	32873	35962	37671	35934	37338	37938
AT1G77140.1	VPS45, ATVPS45 - vacuolar protein sorting 45	6.05E-01	1.09	51	1	1	15654	13485	24499	13223	14741	10959	16342	15763	17259	12270	6765	16599
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	6.06E-01	1.05	387	8	8	364558	374932	284014	341427	375385	397675	407986	415922	407537	400013	326682	283543
AT1G07010.1;AT1G07010.2	Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	6.07E-01	1.08	58	1	1	4225	2909	6586	6458	1809	3365	4926	6431	5388	4483	922	1281
AT5G13720.1	Uncharacterised protein family (UPF0114)	6.07E-01	1.48	31	1	1	4924	5260	938	250	3493	2851	3453	4157	2260	1120	437	522
AT2G41680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	6.08E-01	1.07	80	2	2	18748	22736	29805	31292	22131	19347	24692	26404	20808	20781	17241	24749
AT1G04810.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	6.08E-01	1.17	468	7	2	184324	153291	78317	68970	165784	164462	90618	131839	120108	107376	108919	137459
AT4G14960.2;AT4G14960.1	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	6.09E-01	1.07	2783	46	2	796260	649259	493312	524583	725392	692254	539133	625936	599569	958270	803141	623987
AT1G61010.1	CPSF73-I - cleavage and polyadenylation specificity factor 73-I	6.09E-01	1.06	153	3	3	21522	27011	19893	26414	30453	33545	35136	28288	26570	22928	17717	19107
AT2G06530.1	VPS2.1 - SNF7 family protein	6.09E-01	1.24	53	2	2	35875	33348	32815	25176	28057	33096	21743	22427	36249	24628	67391	61925
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	6.12E-01	1.27	115	2	2	184525	199868	140655	128344	209697	181557	126250	114761	161221	159252	451506	318263
AT2G05020.1	F-box associated ubiquitination effector family protein	6.13E-01	1.12	22	1	1	51586	36601	36459	18519	36344	31532	36199	36154	34401	30792	18374	33350
AT2G18020.1	EMB2296 - Ribosomal protein L2 family	6.13E-01	1.02	70	1	1	57410	54337	57375	55074	56715	58137	35777	38868	53373	48717	85341	68786
AT1G64090.1;AT1G64090.2	RTNLB3 - Reticulan like protein B3	6.13E-01	1.44	125	2	2	282162	377615	174818	185091	317353	333181	117349	220782	233336	294016	658197	881535
AT1G33050.1;AT1G33050.2	unknown protein	6.14E-01	2.20	64	1	1	17143	9755	6518	7344	6719	9723	3523	4252	6910	9679	56209	45501
AT3G12670.1	emb2742 - CTP synthase family protein	6.14E-01	1.12	60	2	1	7306	11652	17233	14720	13972	7125	14389	13732	9634	10936	10218	5183
AT4G25450.1;AT4G25450.2	ATNAP8, NAP8 - non-intrinsic ABC protein 8	6.14E-01	1.02	183	3	2	79108	81005	79308	87926	99895	104735	135665	128814	84031	69806	49370	51954
AT2G16950.1	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	6.15E-01	1.03	957	19	19	2028173	1971579	1120896	1151808	1683430	1639079	1717194	1719088	1777765	1686809	1561577	1450670
AT3G27080.1	TOM20-3 - translocase of outer membrane 20 kDa subunit 3	6.15E-01	1.11	50	1	1	11576	9393	6112	9224	10233	8054	14192	10643	10153	10300	9737	5374
AT4G31120.1;AT4G31120.2	SKB1, ATPRMT5 - SHK1 binding protein 1	6.18E-01	1.02	433	9	9	418063	395577	321121	324255	401297	408038	387029	381147	400078	379037	411751	359955
AT5G20710.1	BGAL7 - beta-galactosidase 7	6.18E-01	1.21	23	1	1	16758	16081	41116	45044	17256	17468	23287	11959	18729	27827	26594	18842
AT1G03860.1;AT2G20530.1;AT4G28510.1	ATPHB2, PHB2 - prohibitin 2	6.18E-01	1.04	145	2	2	107435	132001	149066	146908	114832	129415	147408	148952	127584	130330	109293	84210
AT1G56085.1	Cyclophilin	6.18E-01	1.71	23	1	1	3940	5001	1172	3681	1629	4519	268	821	887	1512	17734	12916
AT1G78510.1	SPS1 - solanesyl diphosphate synthase 1	6.19E-01	1.04	94	1	1	30160	26221	31304	41814	29784	35046	36875	40395	32070	44046	16782	17187
AT1G50500.2;AT1G50500.1	HIT1 - Membrane trafficking VPS53 family protein	6.19E-01	1.04	143	4	4	73040	69475	50172	50083	72662	71318	71546	70672	68640	73534	66101	51935
AT2G19790.1	SNARE-like superfamily protein	6.20E-01	1.03	174	4	4	137008	128673	78774	105007	97462	120804	109666	121559	112741	106375	110431	127553
AT5G64290.1	DCT, DIT2.1 - dicarboxylate transport 2.1	6.20E-01	1.14	130	2	2	59173	63355	36795	34704	65280	62581	93067	85925	53059	57329	38249	38401
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	6.20E-01	1.31	50	1	1	4465	4108	4590	4309	4537	3671	2992	2565	3794	4513	9213	10454
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	6.21E-01	1.03	51	2	2	46553	36100	53599	55248	54074	47978	49881	47594	60840	50593	47668	46829
AT4G10930.1	unknown protein	6.21E-01	3.31	53	2	1	569	1735	150	742	711	509	237	471	0	176	6134	7600
AT2G24580.1	FAD-dependent oxidoreductase family protein	6.22E-01	1.10	25	1	1	1849	2929	5736	5242	3524	6336	7021	5613	5253	2361	4045	3913
AT4G31530.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.23E-01	1.07	39	1	1	24807	26912	20964	24601	15514	17243	13388	25494	24760	21748	17504	19065
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrin	6.24E-01	1.04	1102	25	24	1277838	1335073	1376049	1509879	1328804	1425749	1586720	1664704	1465832	1464533	1201911	1190114
AT1G03630.1	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	6.24E-01	1.04	713	15	11	1084805	1073344	1463419	1449441	1311633	1275770	1378004	1330944	1241103	1245875	1088262	1087928
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	6.27E-01	1.40	261	4	3	24918	44680	28833	24390	35463	32645	20669	23725	23030	25937	91028	82539
AT5G66200.1	ARO2 - armadillo repeat only 2	6.27E-01	2.47	43	1	1	2845	5528	0	249	448	3922	814	424	569	1411	695	1349
AT2G30200.1;AT2G30200.2	catalytics;transferases;{acyl-carrier-protein} S-malonyltransferases;binding	6.28E-01	1.11	108	2	2	16186	20368	16142	14575	22396	23260	22701	27204	21406	26725	11224	16428
AT5G06140.1	SNX1, ATSNX1 - sorting nexin 1	6.29E-01	1.07	57	2	2	54163	57100	32908	33239	47341	44754	42782	34729	37434	44634	51661	39939
AT1G11530.1	ATCXXS1, CXXS1 - C-terminal cysteine residue is changed to a serine 1	6.29E-01	1.05	82	2	2	56325	69708	61312	67937	76991	81111	96827	79905	59906	70832	61371	66825
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.31E-01	1.04	633	16	13	971471	988280	1214312	1296354	1009322	1121924	1261169	1243936	1010459	973279	974599	912396
AT1G51690.1;AT1G51690.2	ATB ALPHA, B ALPHA - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	6.31E-01	1.03	587	11	9	398829	357079	479045	472352	434220	417442	520951	474768	408076	403299	424999	405998
AT5G65950.1	unknown protein	6.31E-01	1.06	66	2	2	48036	71772	54911	76550	66489	83336	58186	71150	59792	61262	66136	61198
AT3G54610.1	HAT1, GCN5, HAG1, HAC3, HAG01, BGT - histone acetyltransferase of the GNAT family 1	6.32E-01	1.35	64	2	1	5422	4292	3573	3707	6312	3841	3274	2448	4839	3518	10375	12240
AT1G79940.1	ATERDJ2A - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	6.32E-01	1.06	64	2	1	24744	21771	14459	20265	26260	29976	23746	24052	16889	14326	34403	15771
AT5G39740.1	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	6.36E-01	1.16	1618	26	5	1721041	1795745	1475045	1441253	1747741	1500340	1205556	1165606	1546158	1573106	3038237	2745761
AT1G73110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.37E-01	1.10	332	7	7	319991	299408	569179	577866	339772	361714	382579	413310	427355	400918	316229	306663
AT1G26300.1	BSD domain-containing protein	6.37E-01	3.51	22	1	1	1163	927	389	309	522	700	366	380	208	294	5695	7127
AT1G05970.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.37E-01	1.13	26	1	1	971	3481	1685	3895	2396	2602	1406	1900	2631	4512	2336	4212
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	6.40E-01	1.06	149	3	3	162667	188773	167937	164913	167193	173841	232838	189789	200871	172285	143095	143147
AT1G68590.1;AT1G68590.2	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	6.41E-01	1.04	123	3	3	946099	893953	1252062	1261733	1018857	1054732	1147674	1158612	1143525	1098525	890678	730280
AT1G78955.1	CAMS1 - camelliol C synthase 1	6.42E-01	1.11	23	1	1	19390	22818	11047	18493	27747	26554	21464	23241	22666	18351	14184	14037
AT1G27130.1	ATGSTU13, GST12, GSTU13 - glutathione S-transferase tau 13	6.44E-01	1.04	25	1	1	15748	17014	12820	18459	18538	20317	17502	16895	17566	13721	18469	14321
AT4G36080.3	phosphotransferases, alcohol group as acceptor;binding;inositol or phosphatidylinositol kinases	6.45E-01	1.04	20	1	1	10454	25000	16101	24103	22871	26675	21634	29389	25126	30144	7987	6556
AT5G66810.1	unknown protein	6.46E-01	1.22	90	1	1	60222	57429	37870	34750	49091	54029	33222	47053	41790	36868	121551	78076
AT2G38010.2;AT2G38010.1	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase	6.48E-01	1.03	195	4	4	145597	136104	173022	177433	146091	170806	175577	176237	146851	151690	128968	140854
AT1G17360.1	unknown protein	6.48E-01	1.00	85	3	2	10808	7707	7925	10473	9156	7670	4498	6839	9995	5593	18240	8534
AT3G46000.1	ADF2 - actin depolymerizing factor 2	6.49E-01	1.04	94	2	1	16819	10732	20128	16401	17511	19612	17874	21762	17964	17298	17363	13385
AT4G04320.1	malonyl-CoA decarboxylase family protein	6.49E-01	1.04	31	1	1	16635	22918	20125	18066	15302	28296	18779	18781	22824	17735	26074	21974
AT4G26910.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	6.50E-01	1.06	338	10	3	35641	32025	57365	39500	42145	35020	43800	44468	50837	50007	27640	39511
AT1G65470.1	FAS1, NFB2	6.51E-01	1.17	20	1	1	9414	30217	11518	19480	9047	25214	9100	12142	13075	21384	34770	32321
AT5G17910.1	unknown protein	6.51E-01	1.68	427	7	6	323705	347882	216849	243424	286156	322076	153550	147570	236196	262934	1123878	997552
AT3G13040.1	myb-like HTH transcriptional regulator family protein	6.51E-01	1.09	26	1	1	5392	3825	3488	2296	5168	4767	5649	4877	5601	4684	2413	3912
AT4G28760.1;AT3G28760.2	unknown protein	6.52E-01	1.05	151	3	2	13105	18064	16513	21871	21858	20637	25834	23487	17118	15483	12315	12836
AT2G45140.1	PVA12 - plant VAP homolog 12	6.52E-01	1.11	99	1	1	37058	40131	49327	50408	55289	50574	41645	33582	46905	45300	62985	82815
AT4G39080.1;AT2G21410.1	VHA-A3 - vacuolar proton ATPase A3	6.53E-01	1.09	291	7	7	258711	264052	151868	187806	261118	277497	347429	354535	216402	220273	202594	181975
AT1G29350.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	6.53E-01	1.34	745	15	5	263604	333505	281301	282422	316153	309489	180527	191306	289190	259829	726784	752742
AT3G13720.1	PRA1.F3, PRA8 - PRA1 (Prenylated rab acceptor) family protein	6.54E-01	1.05	27	1	1	26367	29171	12445	20592	33799	34715	31503	36580	19230	23253	27205	27370

AT1G35160.1;AT1G35160.2	GRF4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	6.55E-01	1.05	965	14	3	284777	332902	292232	320310	290290	307735	366349	391927	324704	329623	243742	263621
AT5G19990.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	6.56E-01	1.06	619	11	11	730304	771102	1112847	1174524	769133	803265	876075	883270	804805	807553	872813	815232
AT3G53460.1;AT3G53460.4	CP29 - chloroplast RNA-binding protein 29	6.56E-01	1.06	256	4	4	65928	79778	71230	83232	78400	50412	90596	82593	82432	73888	49265	75477
AT5G21160.1	LA RNA-binding protein	6.56E-01	1.24	315	4	3	187562	165320	159536	138395	187444	187586	121191	125758	138482	154780	362037	373671
AT1G04780.1	Ankyrin repeat family protein	6.57E-01	1.16	32	1	1	9382	13160	6280	5694	8155	5580	5339	7939	5926	7087	17476	12182
AT5G23310.1	FSD3 - Fe superoxide dismutase 3	6.57E-01	1.06	36	1	1	9512	8970	10928	20955	7128	13833	15339	17382	13483	11238	7364	2663
AT4G33010.1;AT2G26080.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	6.59E-01	1.05	194	5	5	139565	150143	247760	250150	168418	298509	193420	271488	227859	284131	190650	155645
AT3G16270.1	ENTH/VHS family protein	6.60E-01	1.00	109	2	2	13858	8613	10594	17742	19285	17426	7973	6696	8452	11788	33262	19634
AT2G20990.2;AT2G20990.1	SYTA - synaptotagmin A	6.60E-01	1.04	38	1	1	23942	23949	30896	25367	35131	25344	39879	32555	20491	17308	25632	23142
AT4G13460.1	SDG22, SUVH9, SET22 - SU(VAR)3-9 homolog 9	6.61E-01	1.05	129	4	4	51362	58026	73014	83922	83313	85743	88558	86332	78569	73724	48046	39289
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	6.61E-01	1.05	190	5	5	226701	204353	305885	278469	202637	197988	263349	274861	245936	243001	164529	158708
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.62E-01	1.06	174	4	4	245741	279471	414050	435042	280039	268962	364145	368258	358225	349864	179673	194702
AT2G01350.2;AT2G01350.1	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	6.63E-01	1.05	138	3	3	74015	55593	62507	61751	61688	68212	63313	62118	55767	56539	77158	87468
AT3G05970.1	LACS6, ATLACS6 - long-chain acyl-CoA synthetase 6	6.63E-01	1.05	243	6	5	128072	118948	118723	124970	175960	166700	141609	131024	143530	121488	93708	164330
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	6.64E-01	1.05	94	2	1	18179	19254	31294	34778	26258	31990	31868	31387	30501	28439	22850	8543
AT2G28900.1	OEP16, ATOEP16-L, ATOEP16-1, OEP16-1 - outer plastid envelope protein 16-1	6.64E-01	1.02	405	7	7	724632	680868	680361	655643	799553	764440	901681	845239	651077	661691	555588	585721
AT3G48590.1	HAPSA, ATHAPSA, NF-YC1 - nuclear factor Y, subunit C1	6.66E-01	1.02	368	7	4	172996	157310	160644	183725	168221	169189	183777	159192	170810	180520	192658	148547
AT2G27100.1	SE - C2H2 zinc-finger protein SERRATE (SE)	6.67E-01	1.13	201	5	4	197822	215539	169671	186546	157468	144533	134815	140092	176288	159812	335859	264722
AT2G36250.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	6.68E-01	1.07	1481	23	13	1013937	1057967	1728756	1845586	1372651	1385910	1469067	1407026	1378382	1304784	1144928	1145050
AT3G18240.1	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	6.68E-01	1.16	370	8	4	316428	315138	296947	333022	353879	353542	249494	226568	340905	300324	622396	537695
AT5G08320.1	unknown protein	6.69E-01	1.58	33	1	1	3879	4578	3428	3016	3034	3019	1524	2456	2753	3110	10499	12827
AT1G09620.1	ATP binding;leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-tRNA ligase	6.69E-01	1.06	376	8	8	234140	332710	179014	226242	278382	279651	274870	276532	239008	230962	216920	206851
AT5G18190.1	Protein kinase family protein	6.69E-01	1.12	30	1	1	39212	61485	30768	35644	51446	49477	65171	64052	60464	49305	25311	35174
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	6.69E-01	1.09	3368	46	43	14112427	14168481	22819180	23719766	12638116	13148384	17283516	17726166	16313843	15768010	13795945	11640259
AT5G09660.1;AT5G09660.2;AT5G09660.3	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	6.70E-01	1.03	2175	29	27	46143469	45552657	68506063	71132094	59150759	60860452	64651732	63449164	65116309	65193397	52476582	51270813
AT2G03520.1	ATUPS4, UPS4 - ureide permease 4	6.71E-01	1.17	25	1	1	26171	14489	14570	20285	17136	34836	50028	44549	25446	20974	6405	2284
AT1G50370.1;AT3G19980.1	Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	6.71E-01	1.04	196	5	5	118751	113606	83199	98529	104348	111676	133556	117980	111885	108966	87836	94505
AT3G23990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	6.71E-01	1.15	249	5	2	12936	10970	22281	23047	11320	12359	23895	22864	13679	27175	11458	8211
AT1G02830.1	Ribosomal L22e protein family	6.72E-01	1.11	49	1	1	13260	6938	9531	4564	8189	6034	8986	10301	6833	7063	4189	6293
AT1G09270.1	IMPA-4 - importin alpha isoform 4	6.72E-01	1.02	497	9	8	579732	640563	639012	686084	651093	651039	665215	703617	636315	623975	612501	542817
AT2G44640.1	unknown protein	6.73E-01	1.04	34	1	1	20237	23022	12820	18021	25434	31862	24712	30037	19447	19445	20866	21734
AT5G57580.1	Calmodulin-binding protein	6.74E-01	1.26	79	2	2	42942	49562	25747	27961	38478	37959	23134	20955	37813	39468	64348	94057
AT2G31880.1	SOBIR1, EVR - Leucine-rich repeat protein kinase family protein	6.75E-01	1.04	22	1	1	11186	9204	5503	8515	11075	15124	10816	9467	12866	12319	8919	8371
AT5G22870.1	Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family	6.75E-01	1.02	23	1	1	733448	616891	716536	672898	645299	585666	854457	708146	566497	506371	626759	612206
AT3G27430.2;AT3G27430.1;AT5G40580.1	PBB1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	6.75E-01	1.08	77	2	2	45481	57387	62200	77172	48890	56060	51401	54242	48107	48662	92344	81738
AT3G08580.1;AT4G28390.1;AT5G13490.1	AAC1 - ADP/ATP carrier 1	6.76E-01	1.03	1146	23	23	2552199	2410415	1886119	1859937	2662249	2634546	2721850	2717445	2337576	2214052	2263079	2147731
AT5G01830.1	ARM repeat superfamily protein	6.77E-01	1.13	33	1	1	40811	37334	88345	84455	54474	47681	52049	48412	64134	53941	48793	46384
AT3G18210.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.78E-01	1.04	27	1	1	10405	7132	14178	10006	9535	9872	10296	11012	8698	8876	11842	12637
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	6.79E-01	1.02	3890	63	12	4958413	4998983	4162753	4547688	5039429	5082905	4751219	4645923	4701513	4718179	5144102	5274773
AT5G14040.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	6.80E-01	1.05	431	11	11	343727	367564	206745	207457	341118	349721	406660	410535	303191	272822	264691	253925
AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	6.81E-01	1.04	222	4	4	235362	236542	342385	335066	255222	270811	334062	293280	307827	305606	196190	175493
AT3G57810.1	Cysteine proteinases superfamily protein	6.81E-01	1.02	30	1	1	44943	32903	37426	55212	32705	38180	44972	54830	50373	45625	23058	17015
AT3G51420.1	SSL4, ATSSL4 - strictosidine synthase-like 4	6.82E-01	1.03	102	2	2	7668	7839	2127	1787	13413	12259	11470	10265	5521	4157	6189	6045
AT3G53610.1	ATRAB8, AtRab8B, AtRABE1a, RAB8 - RAB GTPase homolog 8	6.82E-01	1.04	183	4	1	37578	43116	28463	33363	43242	44414	44679	42020	33000	41669	32008	27222
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	6.82E-01	1.06	224	5	5	109107	84001	158877	130422	111593	97582	127341	120263	107618	109769	104740	82798
AT3G63130.1	RANGAP1, ATRANGAP1 - RAN GTPase activating protein 1	6.83E-01	1.34	51	1	1	113784	114090	74594	104436	112038	114477	66927	73067	104155	74304	307882	221737
AT5G43400.1	Uncharacterised conserved protein UCP015417, vWA	6.86E-01	3.60	59	1	1	330	1902	490	0	247	419	0	227	534	943	5359	5136
AT1G51650.1	ATP synthase epsilon chain, mitochondrial	6.86E-01	1.04	59	1	1	38950	36407	38836	32414	48358	41296	38009	44110	51015	34957	35178	41466
AT5G49020.2	ATPRMT4A, PRMT4A - protein arginine methyltransferase 4A	6.86E-01	1.02	920	14	10	503680	450968	474164	417762	481809	462784	529122	501155	486525	460102	426567	440422
AT4G14230.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	6.86E-01	1.20	33	1	1	5713	9167	1496	5987	6599	7209	9133	5604	3192	5708	3228	3377
AT5G48220.1;AT5G48220.3	Aldolase-type TIM barrel family protein	6.87E-01	1.05	73	2	2	23353	20723	19738	25143	23939	20978	19488	21751	19897	20040	29446	30496
AT3G01440.1	PQL1, PQL2 - PsbQ-like 1	6.88E-01	1.12	22	1	1	2243	3202	3036	6306	3115	2028	2173	3548	4170	2222	1790	3946
AT2G39040.1	Peroxidase superfamily protein	6.89E-01	1.03	48	2	1	14258	13322	7908	9015	16009	14026	14318	13748	14649	11349	11151	11412
AT1G65780.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.90E-01	1.07	46	2	1	21561	16624	16510	15856	15885	17866	18321	11674	21430	21199	23045	15755
AT5G55056.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa ·	6.91E-01	1.08	21	1	1	22753	16588	41150	32431	35574	30498	40721	35962	39040	36824	23011	18090
AT1G19740.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	6.91E-01	1.10	222	4	4	199977	178094	280480	277507	217220	244444	305235	317801	310032	276390	150234	172155
AT4G26900.1	AT-HF, HISN4 - HIS HF	6.92E-01	1.07	26	1	1	87688	120993	70351	77452	50190	71956	73932	93694	83916	91521	55129	47590
AT4G32770.1	VTE1, ATSDX1 - tocopherol cyclase, chloroplast / vitamin E deficient 1 (VTE1) / sucrose export defective 1 (SXD1)	6.92E-01	1.03	196	5	5	304068	298162	257493	294396	236975	268226	292069	318657	275175	296151	209416	226940
AT3G27240.1	Cytochrome C1 family	6.92E-01	1.03	25	1	1	47382	60603	45670	42632	55678	46257	54454	49265	43695	38851	61614	41130
AT5G16280.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.93E-01	1.03	43	2	2	14523	11271	7840	4148	12119	12048	12323	13468	10909	11167	7383	8660
AT1G20020.1	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	6.93E-01	1.02	601	11	9	610391	614924	661154	737767	665643	610044	766035	762377	707542	618556	515903	446738
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	6.93E-01	1.02	59	2	2	18714	10951	14526	9350	12877	12296	10268	7783	8729	9722	17691	22606
AT3G48140.1	B12D protein	6.95E-01	1.04	45	1	1	10000	14866	19537	15299	25184	22700	27501	22729	16369	21387	8800	6923
AT5G03430.1	phosphoadenosine phosphosulfate (PAPS) reductase family protein	6.95E-01	8.42	29	1	1	2695	10184	1630	4313	1628	10450	2375	3966	113	3127	127160	123561
AT3G09740.1	SYP71, ATSYP71 - syntaxin of plants 71	6.96E-01	1.08	27	1	1	1953	480	777	1285	1950	2605	1640	2888	1029	1467	742	1981
AT5G59420.1	O-fucosyltransferase family protein	6.98E-01	1.06	22	1	1	29713	19203	41500	31639	28698	28140	34813	28579	30941	23238	31961	19041
AT4G28840.1	unknown protein	6.98E-01	1.02	174	4	4	139587	148954	81167	82049	129142	122806	116133	114802	119440	103741	137162	127997
AT3G04550.1	unknown protein	6.99E-01	1.03	389	8	8	960739	974008	1282074	1377921	1028055	1038510	1226387	1220294	1218818	1276231	987136	934504
AT2G17970.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.99E-01	1.60	102	2	2	7083	9280	6645	3798	6428	5341	3235	2997	5339	5661	21820	22532
AT5G56280.1	CSN6A - COP9 signalosome subunit 6A	7.00E-01	1.02	69	2	2	165546	148532	138549	157153	169918	166687	164699	167300	142720	152965	164733	136737
AT1G12310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	7.03E-01	1.21	22	1	1	1770	1894	9016	5046	3248	3024	4613	4175	4772	3140	1596	1491
AT1G21630.1;AT1G21630.2	Calcium-binding EF hand family protein	7.03E-01	1.28	358	7	6	330240	314971	191796	248045	266624	300003	155156	166919	265771	274911	637053	609458
AT3G56140.1	Protein of unknown function (DUF399 and DUF3411)	7.03E-01	1.59	25	1	1	45354	36016	14486	18267	27773	46963	20966	17393	15245	22890	132180	91749
AT1G28200.1	FIP1 - FH interacting protein 1	7.03E-01	1.13	39	1	1	8905	3804	12402	12462	9943	11010	8398	6068	7979	7299	10699	11130
AT2G23400.1	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase family protein	7.05E-01	1.24	50	2	2	22659	21764	16042	15682	19260	22676	16696	14629	13909	14955	41330	44552
AT1G16250.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	7.05E-01	1.14	25	1	1	13894	11898	26146	13148	19031	11676	20209	18706	27654	23456	7753	11485
AT5G42765.1	unknown protein	7.06E-01	1.02	57	1	1	46021	43420	44149	46637	54227	44652	46017	49217	45011	43463	41218	49277
AT1G11790.1;AT1G11790.2	ADT1 - arogenate dehydratase 1	7.07E-01	1.03	327	5	2	61311	100579	61486	98495	91215	110152	98044	89065	77862	89175	74835	109349
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	7.07E-01	1.02	518	8	8	474865	438040	688980	677965	451069	394165	556757	474633	574161	550963	540599	484242
AT3G43440.1	JAZ11, TIFY3A - jasmonate-zim-domain protein 11	7.09E-01	1.52	33	1	1	8187	8109	13060	13032	7499	8777	5951	6280	6645	6764	34942	28630
AT1G62780.1	unknown protein	7.09E-01	1.03	627	13	13	1940186	1974794	1868885	2037561	1469775	1574442	1744914	1783901	1614966	1666548	1995326	1749495
AT4G17870.1	PYR1, RCAR11 - Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	7.09E-01	1.06	36	1	1	3360	1816	3097	2033	1656	2242	2139	3187	1967	2924	1708	3075
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	7.09E-01	1.04	1192	20	16	3902432	3898521	5790947	5693353	4775772	4658773	4936817	4596415	4982791	4809119	4399008	3875280
ATMG00180.1	CCB452 - cytochrome C biogenesis 452	7.10E-01	1.06	31	1	1	2520	2203	4947	2789	3571	3005	2535	2297	3781	2816	4536	4274
AT1G29260.1	PEX7, ATPEX7 - peroxin 7	7.11E-01	1.04	311	7	6	203580	154112	172235	167838	162469	165455	214139	200843	181546	168449	158458	138971
AT5G66470.1	RNA binding;GTP binding	7.14E-01	1.23	50	1	1	4605	3491	8186	5658	4924	4026	3936	1121	1639	5065	17583	8559
AT3G03780.1	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	7.15E-01	1.10	787	16	1	8765	11533	6959	10816	13204	10418	13459	15559	13687	11672	6566	7073
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	7.16E-01	1.05	861	13	1	40491	33102	46288	46202	38126	32015	51183	48555	46142	29291	37090	35900
AT4G39460.1	SAMC1, SAMT1 - S-adenosylmethionine carrier 1	7.17E-01	1.11	31	1	1	11403	22921	8124	13119	13997	19591	11380	15302	14292	15463	13844	9814
AT3G07770.1	Hsp89.1, AtHsp90.6, AtHsp90-6 - HEAT SHOCK PROTEIN 89.1	7.18E-01	1.04	265	6	2	25375	34171	40495	46923	35344	40956	38262	42637	36997	36296	50362	28076
AT5G58030.1	Transport protein particle (TRAPP) component	7.19E-01	1.03	231	4	4	100641	79685	84448	59821	114578	99726	127798	103369	97316	91276	43728	59505
AT3G52880.1;AT3G52880.2	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	7.19E-01	1.02	158	4	4	46243	54395	55159	53454	50479	51254	54751	53280	46831	64139	45619	41133
AT1G22790.1	unknown protein	7.20E-01	1.02	23	1	1	73679	67019	32167	26394	59824	58044	55266	55880	71445	52690	44860	42360
AT4G09720.3;AT2G21880.1;AT4G09720.2	ATRABG3A, RABG3A - RAB GTPase homolog G3A	7.20E-01	1.08	48	2	2	42216	48932	28671	33735	58123	60189	51714	47615	37999	41372	28898	45055
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	7.20E-01	1.33	463	6	6	368672	400625	241817	273004	321643	309263	187091	181603	283120	297216	878513	725753

AT1G10760.1	SEX1, SOP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	7.22E-01	1.13	129	4	2	11102	16349	9601	10638	13335	13012	12794	19298	16946	18776	7525	8210
AT2G43160.1;AT2G43160.4	ENTH/VHS family protein	7.23E-01	1.00	498	8	5	285166	367059	298573	338830	329271	386879	204334	208405	264016	310559	531852	494104
ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	7.25E-01	1.01	637	8	7	9780823	10051977	6835072	7171908	9533416	9837136	8964458	8922413	9213255	8843815	8755242	9263800
AT5G10840.1;AT5G25100.2	Endomembrane protein 70 protein family	7.25E-01	1.06	25	1	1	52455	64365	36336	44724	73385	67149	57442	74115	47035	51348	40417	48112
AT1G55490.1;AT1G26230.1;AT5G56500.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	7.28E-01	1.05	2843	44	10	1913850	1936197	2805720	2901363	1926272	1892331	2491255	2558692	2226849	2182585	1685378	1648403
AT3G11330.1	PIRL9 - plant intracellular ras group-related LRR 9	7.29E-01	1.11	30	1	1	11159	20143	35766	24899	21093	15558	24845	20481	19400	25555	11954	14036
AT4G35800.1	NRPB1, RPB1, RNA_POL_II_LSRNA_POL_II_LS, RNA_POL_II_LS - RNA polymerase II large subunit	7.30E-01	1.08	31	1	1	11900	11778	9255	9573	10044	9785	6491	3496	8736	8112	20361	20417
AT5G47030.1	ATPase, F1 complex, delta/epsilon subunit	7.34E-01	1.01	31	1	1	89593	88944	139774	151576	100121	97039	118050	118027	106456	109501	104042	119271
AT2G36870.1;AT2G36870.2	XTH32 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	7.34E-01	1.07	70	2	1	20091	7808	20360	17826	17175	15772	20500	17882	17181	18728	9731	8649
AT1G26630.1	FBR12, ATELF5A-2, ELF5A-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	7.34E-01	1.05	30	1	1	4761	4344	7803	9531	6015	4764	7177	5499	4522	4984	8305	8510
AT1G67930.1	Golgi transport complex protein-related	7.37E-01	1.09	140	4	3	61669	80684	42856	35120	73368	61892	55817	63341	55175	60452	48216	44600
AT4G02480.1	AAA-type ATPase family protein	7.37E-01	1.30	91	2	2	25120	24289	23570	16126	21075	18162	16341	12973	15403	17478	50083	54266
AT1G30630.1;AT2G34840.1	Coatomer epsilon subunit	7.38E-01	1.01	470	10	10	967528	987344	924156	959608	1018262	1006837	1116789	1077663	1056203	1034455	747280	753892
AT3G16060.1	ATP binding microtubule motor family protein	7.38E-01	1.20	37	1	1	56666	56652	52891	60224	41299	40939	33816	32098	41837	60094	113091	88932
AT2G02560.2	CAND1, ATCAND1, ETA2, TIP120, HVE - cullin-associated and neddylation dissociated	7.38E-01	1.09	46	2	1	13762	25106	11842	21083	11156	11215	13125	15440	15972	20897	11556	9486
AT1G71720.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	7.39E-01	1.11	54	2	2	16870	17823	28063	33191	15872	15580	36871	21085	22873	33911	12932	14001
AT5G19640.1	Major facilitator superfamily protein	7.41E-01	1.65	30	1	1	770	7468	5464	3943	5149	3634	2242	2014	1989	2651	14712	20126
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	7.42E-01	1.01	335	7	7	638131	438909	573940	569686	737009	666755	781720	688418	780804	704621	346364	296656
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	7.42E-01	1.06	953	18	12	1242983	1209900	1982972	2084033	1416910	1536426	1590511	1508452	1589727	1587050	1412829	1289675
AT3G28290.1	AT14A - Protein of unknown function (DUF677)	7.42E-01	1.03	94	3	3	71209	68140	66385	60674	87240	91031	87026	95878	79066	65252	64714	67454
AT3G05680.2;AT3G05680.1	EMB2016 - embryo defective 2016	7.43E-01	1.41	20	1	1	8745	11522	5137	7270	7425	8060	1917	2441	4543	5579	25587	28039
AT1G22300.1;AT1G22300.2	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	7.45E-01	1.02	551	11	10	689927	639500	694157	610349	758533	668568	708501	703120	755286	612410	567493	652004
AT3G26380.1	Melibiase family protein	7.45E-01	1.01	23	1	1	23374	19767	14916	9515	24654	26538	18422	15859	22518	18258	23332	21548
AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, putative	7.45E-01	1.01	493	10	10	851578	830888	526292	585313	743172	775116	722698	760969	735788	729813	753842	665917
AT2G20330.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	7.45E-01	1.29	60	2	2	25832	30093	33125	27123	27825	33115	20570	20284	23332	22078	65960	75806
AT1G55530.1	RING/U-box superfamily protein	7.47E-01	2.39	66	2	2	948	7622	2526	4710	5962	9223	16	3436	4560	1683	31571	32732
ATCG00540.1	PETA - photosynthetic electron transfer A	7.49E-01	1.00	80	1	1	32905	37241	38189	47866	34377	41554	47466	48410	44101	46465	18030	26618
AT1G33680.1	KH domain-containing protein	7.51E-01	1.51	120	3	2	82984	83777	52298	53855	85381	80902	32177	45062	58659	59228	248349	219257
AT2G17190.1	ubiquitin family protein	7.52E-01	1.05	25	1	1	9334	13184	15159	18564	15292	15474	15539	13105	13296	12000	14685	14075
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	7.56E-01	1.01	1094	19	19	1689901	1715338	1447852	1513445	1682732	1715684	1585646	1605072	1394769	1482606	1985220	1572551
AT1G06690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	7.57E-01	1.01	101	2	2	37014	31185	51647	76998	77586	61457	51117	60668	75378	58129	43189	51870
AT3G19740.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.60E-01	1.04	22	1	1	156742	169777	100593	130840	120201	121084	114571	139728	122859	142935	123155	125358
AT3G54050.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	7.60E-01	1.04	337	7	6	223831	270297	204202	222324	217019	221190	299788	268132	264190	218616	180395	187567
AT3G18850.1	LPAT5 - lysophosphatidyl acyltransferase 5	7.61E-01	1.06	24	1	1	31826	36199	33394	40224	36007	49387	26833	39771	30315	40388	53005	50499
AT3G13920.1;AT1G72730.1;AT3G13920.2;AT3G1	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	7.63E-01	1.01	1336	26	4	400949	341924	374620	286326	404757	328062	528219	402430	364901	367626	216358	241025
AT3G56110.1	PRA1.B1 - prenylated RAB acceptor 1.B1	7.65E-01	1.07	57	2	2	38267	35712	19498	20955	36402	34618	34732	33809	32706	27363	21799	23348
AT1G21640.1	NADK2, ATNADK2 - NAD kinase 2	7.66E-01	1.01	207	5	5	183957	163781	146461	162688	152921	160175	173845	173985	155951	165665	169467	143870
AT4G15510.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	7.69E-01	1.05	23	1	1	28815	23247	42371	32687	29115	20966	38370	33833	25016	22408	23599	25835
ATMG00070.1	NAD9 - NADH dehydrogenase subunit 9	7.69E-01	1.02	304	6	6	256540	285288	234972	246730	282740	306323	262511	305051	240926	255483	276284	298383
AT3G23490.1	CYN - cyanase	7.69E-01	1.05	24	1	1	25086	24378	24889	34205	27964	14811	21571	25930	18455	23450	31324	37598
AT2G11851.1	unknown protein	7.70E-01	1.07	29	1	1	9374	9593	7840	5208	9346	5657	9134	9701	4524	6381	8795	11936
AT3G19340.1	Protein of unknown function (DUF3754)	7.70E-01	1.14	23	1	1	4051	4662	2888	3252	6417	5658	5745	6879	4097	2093	8266	3547
AT4G11150.1;AT1G64200.1;AT3G08560.1	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	7.70E-01	1.04	382	9	9	496553	419158	641316	630039	433467	451617	508290	512993	525950	550960	440849	421703
AT3G06930.1	ATPRMT4B, PRMT4B - protein arginine methyltransferase 4B	7.70E-01	1.02	852	16	12	787528	793894	618483	663215	773806	825493	851690	855241	760827	761219	670880	652416
AT5G12370.1	SEC10 - exocyst complex component sec10	7.72E-01	1.01	59	2	1	9877	11743	11407	14908	12319	18064	10931	12849	13082	15178	14334	13101
AT4G14540.1	NF-YB3 - nuclear factor Y, subunit B3	7.74E-01	1.02	668	9	5	452948	458527	389162	411892	304081	315830	296399	280728	368101	338499	429715	570960
AT2G34470.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	7.75E-01	1.02	50	1	1	47534	39880	50878	57382	55230	45978	52091	56009	51542	44657	40748	45171
AT3G20680.1	Domain of unknown function (DUF1995)	7.76E-01	1.02	67	2	2	14833	15802	17492	22581	20278	17095	24023	18488	17320	15818	14389	15431
AT2G22170.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	7.78E-01	1.03	75	1	1	33957	38649	24475	36719	32202	41981	31872	40424	33682	39753	41581	26662
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	7.78E-01	1.02	126	3	2	26980	22695	26887	21597	23335	33180	34042	32646	22937	21388	18206	22510
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	7.78E-01	1.03	1381	26	10	611485	542470	709588	655166	609840	607366	761733	715819	605057	666162	517987	566415
AT2G19860.1	ATHXK2, HXK2 - hexokinase 2	7.79E-01	1.08	102	2	2	44695	60817	28273	30710	50550	64448	52726	55293	38878	36522	38664	36367
AT5G37310.1;AT2G01970.1	Endomembrane protein 70 protein family	7.79E-01	1.03	25	1	1	24793	20460	18701	15742	24404	24649	27850	21435	15182	16190	25314	19519
AT3G27160.1	GHS1 - Ribosomal protein S21 family protein	7.80E-01	1.03	82	2	2	30666	41706	55940	38576	37381	29757	31813	51253	34993	48027	21274	39934
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	7.81E-01	1.02	337	6	6	361345	385103	482228	502593	435964	453415	483270	496112	436379	432211	342414	376323
AT1G01470.1	LEA14, LSR3 - Late embryogenesis abundant protein	7.81E-01	1.03	138	3	3	97082	94313	96923	106592	90155	81476	87497	78195	99442	91628	107500	116809
AT1G13020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	7.82E-01	1.03	242	5	4	57414	64001	84009	67676	70431	63307	44631	43821	48801	56161	93048	134041
AT5G51300.1	splicing factor-related	7.82E-01	1.21	231	5	5	929613	880094	724240	727908	766333	732335	531063	488216	715667	690134	1639195	1702971
AT3G04930.1;AT5G28040.1	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	7.82E-01	1.04	34	1	1	44940	37350	46641	40954	48531	44967	32045	24838	28553	41794	70557	74864
AT4G23230.1;AT3G45860.1	CRK15 - cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 15	7.83E-01	1.24	49	2	1	3458	3320	1373	778	4676	3777	2880	2470	2121	1430	1696	3456
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	7.84E-01	1.26	269	6	6	867322	847076	627956	636165	713339	714202	441956	472233	613573	630540	1887656	1515806
AT3G44590.1	60S acidic ribosomal protein family	7.84E-01	1.23	285	6	5	537285	433392	449183	428001	414153	378796	255395	279975	397499	416461	886269	1003403
AT4G36870.1	BLH2, SAW1 - BEL1-like homeodomain 2	7.86E-01	1.01	27	1	1	563116	416237	521870	433805	412109	399487	410165	335459	402169	356056	463780	763703
AT2G40590.1	Ribosomal protein S26e family protein	7.86E-01	1.04	21	1	1	24583	16065	31092	20233	20620	13789	24381	17164	20343	14991	22887	31645
AT5G58770.1	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase family protein	7.87E-01	1.28	46	2	1	1559	2207	1681	2147	1685	1798	3170	3622	3253	2849	1196	119
AT4G55760.1	unknown protein	7.87E-01	1.03	349	7	7	232118	235912	342018	347855	285920	249954	279256	283915	241670	274450	296710	261350
AT5G66030.1;AT5G66030.2	ATGRIP, GRIP - Golgi-localized GRIP domain-containing protein	7.87E-01	1.09	214	5	5	37209	32288	41985	43901	40599	26177	32758	26588	29598	34513	64570	53892
AT4G25940.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	7.87E-01	1.20	63	1	1	69038	70570	41936	48275	65086	70103	33312	37889	55980	61753	129924	120223
AT5G11980.1	conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	7.88E-01	1.01	107	2	2	52265	43434	24990	22563	52433	42958	43733	38660	33695	39486	39694	41785
AT4G32150.1	VAMP711, ATVAMP711 - vesicle-associated membrane protein 711	7.89E-01	1.04	40	1	1	11539	10921	4545	6333	7290	10370	12584	12104	6564	7493	6699	3680
AT5G02130.1	NDP1 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.89E-01	1.06	46	2	2	33558	30507	60277	53668	37857	35261	36795	34379	40219	37130	53934	34940
AT2G31370.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	7.89E-01	1.47	608	8	6	376388	356933	241478	217362	315437	322015	147569	157308	245917	253640	1008649	882270
AT5G18440.1	unknown protein	7.94E-01	1.06	27	1	1	24352	20729	20552	37308	28195	28046	19792	24658	29572	25223	46331	23156
AT3G02630.1;AT5G16230.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	7.94E-01	1.06	22	1	1	1160	3704	2798	4023	2699	2020	3199	3690	2683	4318	1407	2049
AT4G20300.1	Protein of unknown function (DUF1639)	7.94E-01	2.49	125	2	1	444	470	437	519	672	306	454	110	411	139	3172	2794
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	7.94E-01	1.17	387	6	5	234272	263166	158630	190631	216685	209949	133540	140015	194675	196654	371219	453103
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	7.95E-01	1.01	562	10	8	610674	791071	894692	952790	716668	735223	928183	979077	842952	846746	519608	518934
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	7.95E-01	1.01	774	12	12	3269346	3252829	3986214	4362040	3702576	3832843	3970798	4014735	3899114	3902803	3435537	3439658
AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.97E-01	1.00	76	3	3	21670	32899	13351	13992	21526	20702	28658	22243	13454	29800	6473	23231
AT3G09680.1;AT5G02960.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	7.99E-01	1.02	78	1	1	37607	31639	41689	49933	31101	31815	32111	37428	35498	34197	45278	43087
AT1G29470.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.00E-01	1.07	28	1	1	7852	5313	3281	3029	7703	6074	6403	3261	3993	4844	8459	4017
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	8.00E-01	1.04	183	4	4	144639	158253	236373	258839	243380	224549	229200	240745	207626	252705	168478	124319
AT4G29590.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.00E-01	1.03	76	2	2	29191	23039	36119	36129	31860	33498	32969	29920	29684	25355	44322	33433
AT5G38660.1	APE1 - acclimation of photosynthesis to environment	8.00E-01	1.02	23	1	1	23015	31006	13457	26255	25024	28865	25740	33643	26150	26197	24517	8764
AT5G14250.1;AT5G14250.2	COP13, CSN3, FUS11 - Proteasome component (PCI) domain protein	8.00E-01	1.02	369	5	5	342547	354955	287106	305470	342322	340239	415655	354658	342750	327387	299542	277988
AT1G69840.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	8.02E-01	1.14	37	1	1	11270	14613	4826	4600	9479	4540	4381	11109	8319	6598	6785	5922
AT1G32990.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	8.03E-01	1.02	80	2	2	36425	25401	39896	50961	38872	46017	39791	50498	41462	32943	42156	34765
AT5G35100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	8.03E-01	1.00	69	1	1	40692	43380	64057	72749	35518	43587	43387	47596	49125	59363	50599	50388
AT1G26850.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.05E-01	1.22	25	1	1	1326	910	614	1050	2575	1562	3597	2380	1152	1098	428	1170
AT1G43700.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	8.05E-01	1.06	236	4	2	432118	472965	317112	367683	311722	360749	207587	239081	289009	278360	706119	671398
AT5G25070.1	unknown protein	8.05E-01	1.00	627	13	10	504793	529160	518016	554250	438653	495702	412164	404406	426500	430781	671681	687904
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	8.05E-01	1.02	217	6	6	102357	107683	137271	153387	106848	128485	153062	148479	111717	124427	105380	79887
AT1G54060.1	ASIL1 - 6B-interacting protein 1-like 1	8.06E-01	1.04	232	6	5	160509	123318	133395	98808	137879	131473	109851	103371	128539	131586	174685	166002
AT1G30120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	8.06E-01	1.01	973	15	3	498350	554922	637940	697023	547335	573861	546514	606882	529497	593320	704014	579524
AT3G25520.1;AT3G25520.2	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	8.08E-01	1.23	1434	24	3	2386140	2354732	1763849	1733450	2023797	1972831	1250977	1185137	1773001	1944414	5040664	3866900

AT3G09840.1;AT3G53230.1;AT5G03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	8.08E-01	1.01	594	11	11	294581	364507	446006	460195	334351	378482	364551	384179	362705	372967	391109	419785
AT3G19620.1	Glycosyl hydrolase family protein	8.08E-01	1.04	20	1	1	329859	328362	253362	291171	229452	232914	199879	235973	291239	329355	357361	312327
AT5G48810.1	ATB5-B, B5 #3, ATCB5-D, CB5-D - cytochrome B5 isoform D	8.11E-01	1.02	94	2	2	123145	161129	82855	98677	110768	128818	86097	91065	94851	97550	167636	152426
AT1G64380.1	Integrase-type DNA-binding superfamily protein	8.11E-01	1.18	26	1	1	179530	177550	103012	118035	127367	127095	91115	102383	111808	105175	291873	277186
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	8.12E-01	1.04	675	14	10	465664	431233	267808	290598	387969	384065	381143	410719	379973	380050	321201	273547
AT2G44650.1	CHL-CPN10, CPN10 - chloroplast chaperonin 10	8.12E-01	1.01	30	1	1	103620	88686	123182	149669	87045	106694	102942	110776	104964	104601	143696	101192
AT3G06850.1	BCE2, LTA1, DIN3 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	8.14E-01	1.02	324	5	5	83883	85668	148635	170903	104515	92664	136748	143549	124642	121552	93842	79312
AT2G38740.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	8.16E-01	1.02	23	1	1	19187	22589	11148	19420	17464	21466	20706	23318	16176	24822	10849	13103
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	8.17E-01	1.01	206	4	4	203986	230608	236834	258663	204975	257018	222798	246527	218082	217207	264248	238291
AT3G26935.1	DHHC-type zinc finger family protein	8.18E-01	1.29	34	1	1	14497	13312	6481	8222	8236	9089	5995	7787	5271	8222	19646	30160
AT4G16143.1;AT1G02690.1	IMPA-2 - importin alpha isoform 2	8.18E-01	1.02	908	15	12	2039333	2188856	2461423	2890425	2401526	2374918	2602972	2633751	2512841	2419510	1996033	1964791
AT5G52100.1	crr1 - Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	8.19E-01	1.01	88	2	2	69467	73757	83973	93777	75794	83572	87180	89329	88562	66546	72937	69096
AT1G66840.1	PMI2, WEB2 - Plant protein of unknown function (DUF827)	8.21E-01	1.02	69	1	1	14279	16667	18874	23639	18253	17921	19936	20433	20036	19145	18523	13634
AT1G47830.1	SNARE-like superfamily protein	8.23E-01	1.03	69	2	2	112644	88015	67815	61555	90264	87344	85346	92732	84155	81567	55639	91767
AT5G67320.1	HOS15 - WD-40 repeat family protein	8.24E-01	1.01	23	1	1	7085	10086	11789	16871	7451	8712	6715	10923	10564	10782	13920	9930
AT4G23895.3	Pleckstrin homology (PH) domain-containing protein	8.27E-01	1.01	42	1	1	4682	2570	9057	5025	5500	4853	7350	6210	6883	6442	3050	1579
AT1G57770.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	8.28E-01	1.02	33	1	1	37537	48211	19051	23662	23529	19107	26897	21603	35425	29847	28892	25902
AT2G19710.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	8.29E-01	1.54	26	1	1	7620	4491	3850	5352	4618	3501	2652	2300	3271	3430	17581	15986
AT1G05055.1	ATGTF2H2, GTF2H2 - general transcription factor II H2	8.29E-01	1.24	96	2	2	35571	36876	25825	26684	24172	27374	19128	13887	27399	29758	77681	50704
AT4G33250.1	EIF3K, TIF3K1, ATTIF3K1 - eukaryotic translation initiation factor 3K	8.29E-01	1.01	132	4	4	225587	253757	299284	349603	328626	330556	325334	323792	346802	350967	208430	206329
AT5G46630.1;AT5G46630.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	8.30E-01	1.03	342	7	7	221492	194890	139728	139389	196063	190107	202241	179802	175699	186855	181234	126357
AT3G06720.1	AT-IMP, ATKAP ALPHA, AIMP ALPHA, IMPA-1, IMPA1 - importin alpha isoform 1	8.31E-01	1.01	447	9	6	313437	319617	424940	448057	423382	398871	425442	414525	417728	405888	356634	333530
AT3G18640.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	8.31E-01	1.26	190	3	3	5817	17132	10627	10770	7774	9244	2629	4645	8189	6041	27540	28347
AT4G18440.1	L-Aspartase-like family protein	8.32E-01	1.04	26	1	1	8580	6389	5449	4261	4941	4818	5285	6297	9183	4995	4174	5777
AT5G65960.1	GTP binding	8.33E-01	1.15	67	2	2	41271	45065	34817	38338	40873	48396	26050	25247	34653	50718	74601	74523
AT1G49340.1	ATPI4K ALPHA - Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein	8.33E-01	1.03	49	2	1	1008536	990355	1103349	1128319	852878	685789	972616	980636	906390	914528	946585	877717
AT5G01650.2;AT5G01650.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	8.33E-01	1.02	55	2	2	18847	14691	24322	24314	23519	25410	23704	30486	14630	19468	20473	19564
AT4G00165.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	8.34E-01	1.12	35	1	1	16398	15057	14541	16475	13398	13718	20365	12545	25996	26876	4112	10129
AT3G55250.1	unknown protein	8.35E-01	1.01	582	12	12	695323	642837	575213	593290	564699	601268	618734	632138	587721	591097	634719	573385
AT1G80130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.35E-01	1.33	76	1	1	17000	21762	10683	13996	10924	16590	9519	6231	11667	14103	40959	38333
AT5G27850.1;AT3G05590.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	8.36E-01	1.10	73	2	1	9472	8828	12348	11920	17235	13195	7998	8792	11886	11593	25529	14537
AT1G10455.1	unknown protein	8.38E-01	1.05	26	1	1	14006	5958	10902	7825	8561	9267	6241	7808	9711	7499	13646	14699
AT2G40890.1	CYP98A3 - cytochrome P450, family 98, subfamily A, polypeptide 3	8.39E-01	1.02	25	1	1	641045	631727	660899	713922	516120	510487	599953	575340	535999	504226	722058	676782
AT1G56070.1;AT3G12915.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	8.39E-01	1.01	1058	22	20	1747319	1800813	1991341	1984503	1817737	1817172	2099912	2063145	1948407	1781630	1637226	1766335
AT4G35850.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	8.40E-01	1.01	377	7	7	489406	520967	424566	455559	448507	458696	477840	482571	493852	484216	399722	435423
AT3G20320.1	TGD2 - trigalactosyldiacylglycerol2	8.41E-01	1.03	42	2	2	9673	10559	7338	9639	5139	11809	9226	7353	12321	7230	7269	12194
AT3G09550.1	Ankyrin repeat family protein	8.41E-01	1.02	22	1	1	152277	359543	436732	335381	292985	358584	185492	407129	385681	385504	291227	326512
AT2G37170.1	PIP2B, PIP2;2 - plasma membrane intrinsic protein 2	8.42E-01	1.84	233	5	2	19588	11880	10527	7143	14220	8293	48621	34113	28027	15981	2237	2506
AT1G16710.2	HAC12 - histone acetyltransferase of the CBP family 12	8.43E-01	1.01	32	1	1	50042	37257	23297	24519	41744	43290	35881	36204	46373	44988	33053	25973
AT5G63490.1	CB5 / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domains-containing protein	8.44E-01	1.10	79	1	1	12868	13414	5524	4817	16564	11910	4905	4230	8239	6178	29309	18512
AT5G65720.1	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	8.45E-01	1.01	29	1	1	30818	27643	41357	40528	29069	32363	33200	46960	30124	31663	33393	23564
AT3G11630.1	Thioredoxin superfamily protein	8.46E-01	1.02	576	11	4	532296	628269	664894	746356	551331	582313	686602	727196	657061	619898	574066	499580
AT2G47970.1	Nuclear pore localisation protein NPL4	8.46E-01	1.00	29	1	1	18968	14712	11607	14874	13606	16066	18248	15819	10904	12160	22103	10530
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	8.46E-01	1.01	1508	25	24	7482153	7662234	9557480	10153016	7786968	8081276	9624328	9897573	8587542	8695177	6654165	6653074
AT3G19820.1	DWF1, DIM, EVE1, DIM1, CBB1 - cell elongation protein / DWARF1 / DIMINUTO (DIM)	8.48E-01	1.01	133	3	3	262872	224329	175607	161810	243665	238264	288095	278622	215915	197191	140986	171411
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	8.48E-01	1.05	333	7	7	444527	388877	688574	779422	573541	577022	576803	556430	543803	518330	545973	547532
AT5G58220.3	TTL - transthyretin-like protein	8.48E-01	1.03	481	8	1	143413	95734	113935	85950	98702	75237	99573	138068	93468	89541	85487	88400
AT2G32920.1	ATPDIL2-3, PDI9, ATPDI9, PDIL2-3 - PDI-like 2-3	8.48E-01	1.11	29	1	1	7777	30532	6676	27713	21140	20199	24776	27017	11581	22988	7290	9544
AT3G21140.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	8.48E-01	1.02	79	2	2	67340	75477	86736	101206	93382	99588	79640	81470	83045	73985	97087	97520
AT3G23010.1	AtRLP36, RLP36 - receptor like protein 36	8.51E-01	1.08	27	1	1	23680	33080	14652	18843	16403	10502	17953	17480	18436	8401	32885	31466
AT2G45590.1	Protein kinase superfamily protein	8.51E-01	1.24	25	1	1	16069	14147	8847	9130	14973	17273	8377	6014	12313	11564	33438	27996
AT1G08135.1	ATCHX6B, CHX6B - cation/H+ exchanger 6B	8.54E-01	1.02	20	1	1	24404	31312	40846	36948	26571	23557	30549	39061	38153	30190	26532	22817
AT3G18420.1	Protein prenyltransferase superfamily protein	8.55E-01	1.01	34	1	1	10612	8493	10376	10193	7824	14865	8734	13651	10481	13853	8446	6386
AT3G10670.1	ATNAP7, NAP7 - non-intrinsic ABC protein 7	8.56E-01	1.01	44	1	1	6559	4961	7810	5709	3070	4829	6792	4578	7775	6972	2593	3858
AT5G12210.1	AtRGTB1, RGTB1 - RAB geranylgeranyl transferase beta subunit 1	8.57E-01	1.05	22	1	1	12215	7563	4594	6007	7887	7735	6910	8416	10490	6958	6602	4574
AT5G40770.1;AT5G14300.1	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	8.57E-01	1.01	260	6	3	35605	71450	92741	109139	62719	75541	76151	101817	59679	71360	72808	61710
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	8.57E-01	1.01	296	7	7	368650	380569	314163	314724	308787	323760	373616	360129	339787	339569	338050	280767
AT3G51530.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	8.58E-01	1.08	20	1	1	5823	3862	1041	768	6360	5634	6008	4376	4151	3018	1011	3211
AT1G11660.1	heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	8.58E-01	1.14	66	2	2	36605	38802	36004	29823	33605	34852	23959	26661	25744	31590	63501	67114
AT5G47640.1;AT2G47810.1	NF-YB2 - nuclear factor Y, subunit B2	8.58E-01	1.10	659	9	5	393295	343200	286178	271369	313967	270290	239997	234185	232574	294210	470774	596967
AT5G36230.1	ARM repeat superfamily protein	8.59E-01	1.05	66	3	1	6307	4472	3831	3080	6155	6134	6220	6028	6594	6118	2754	3718
AT5G46580.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	8.60E-01	1.05	189	5	5	98720	110636	54778	56303	70277	95446	97525	95515	71530	71534	68605	58847
AT4G03020.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	8.61E-01	1.09	91	1	1	43279	12196	23367	21758	22687	16130	24310	16351	16639	16291	27230	26882
AT2G03340.1	WRKY3 - WRKY DNA-binding protein 3	8.61E-01	1.19	67	1	1	8028	8914	4113	4563	4063	8267	2707	3827	3907	2979	14789	16996
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	8.62E-01	1.01	245	5	5	430624	480310	481755	524780	386095	411538	437442	476440	421285	437823	476908	428848
AT1G51927.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.64E-01	1.07	237	5	3	108856	50094	49323	85308	63424	59170	72060	62318	62836	60823	61199	71327
AT5G60540.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	8.65E-01	1.03	208	5	5	162353	187015	269207	272766	189857	213625	237347	256123	200614	212628	191208	162915
AT3G46430.1	unknown protein	8.66E-01	1.04	67	2	2	15000	14131	8343	8401	15216	15128	13821	12894	8785	10093	11745	15774
AT4G24972.1	TPD1 - tapetum determinant 1	8.67E-01	1.07	21	1	1	17320	27687	48487	38283	35169	31933	43830	44220	46713	41836	19348	17366
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	8.67E-01	1.01	31	1	1	43454	45378	40682	51238	43301	54339	41737	50980	40506	44917	55752	41724
AT2G47960.1	unknown protein	8.68E-01	1.01	119	3	3	67529	73201	91642	101189	69917	77517	83915	87929	75554	83184	92270	52016
AT5G37510.1	EMB1467, CI76 - NADH-ubiquinone dehydrogenase, mitochondrial, putative	8.68E-01	1.01	378	6	6	180602	200841	293740	292325	231061	245364	263109	278561	201438	220622	254847	234160
AT1G01390.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	8.69E-01	1.01	25	1	1	20927	16765	15749	16818	21775	19324	18384	22110	16941	15737	21788	17926
AT1G79090.1	unknown protein	8.69E-01	1.08	113	3	2	133747	139979	108191	117187	129144	129943	75299	84366	97046	98099	242364	219513
AT2G33210.1	HSP60-2 - heat shock protein 60-2	8.70E-01	1.42	190	3	1	421	3806	6811	8938	2087	4753	3284	4476	2547	3976	1160	3406
AT5G09860.2;AT5G09860.1	THO1 - nuclear matrix protein-related	8.71E-01	1.21	59	1	1	55531	62893	41815	55168	47513	50774	27947	41988	38503	42141	115191	114046
AT1G73750.1	Uncharacterised conserved protein UCP031088, alpha/beta hydrolase	8.71E-01	1.03	39	1	1	20737	17138	21680	23990	23960	24552	30332	27031	29383	23429	10562	15206
AT1G15280.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	8.72E-01	1.03	47	1	1	3263	6608	4043	8801	3869	5342	2788	4980	3650	4861	5714	9023
AT1G08720.1	EDR1, ATEDR1 - Protein kinase superfamily protein	8.72E-01	1.04	27	1	1	3720	4807	3219	4789	4717	3608	6102	6185	2321	2463	3375	5302
AT4G09980.1	EMB1691 - Methyltransferase MT-A70 family protein	8.73E-01	1.04	22	1	1	2375	905	1867	1365	1559	2371	3911	862	1186	1016	1969	1933
AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	8.73E-01	1.19	449	8	7	1097151	1126604	734960	717638	910156	921347	578668	599805	784078	681657	2130793	1762249
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	8.73E-01	1.01	354	5	5	291279	282595	584285	602258	348744	365173	391509	470830	530456	511195	286839	305257
AT3G13930.1;AT1G54220.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	8.75E-01	1.00	534	9	9	412333	365227	574265	533667	436941	434050	412293	411894	491646	467769	505388	478045
AT5G56840.1	myb-like transcription factor family protein	8.75E-01	1.02	21	1	1	21259	46534	39991	24280	50079	55403	19277	26000	25182	49216	40351	81813
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	8.77E-01	1.01	474	10	9	454661	468532	414229	451061	578508	562258	539006	531173	502227	495375	462117	418937
AT4G02120.1	CTP synthase family protein	8.78E-01	1.10	71	2	1	5828	5838	8003	6418	5662	6152	8490	7515	7592	8951	6662	2541
AT3G58560.1	DNAse I-like superfamily protein	8.79E-01	1.02	103	2	2	19172	9295	20174	10344	19293	14923	26753	14945	12423	12422	13017	15826
AT3G07460.2;AT3G07460.1;AT3G07470.1	Protein of unknown function, DUF538	8.80E-01	1.05	37	1	1	7989	8943	3203	6583	8492	5603	7067	6455	6804	8162	3276	7140
AT5G57290.1;AT5G57290.2	60S acidic ribosomal protein family	8.81E-01	1.02	520	7	6	2700144	2366095	2194900	2206502	2338508	1922666	1655520	1618575	2139190	2005822	3432195	3106549
AT1G22920.1;AT1G22920.2;AT1G71230.1	CSN5A, JAB1, AJH1 - COP9 signalosome 5A	8.81E-01	1.01	604	14	12	1388701	1533574	1353279	1573863	1322722	1308523	1487486	1462568	1272503	1310939	1562493	1443628
AT5G17320.1	Cystatin/monellin superfamily protein	8.81E-01	1.04	26	1	1	26361	23139	34276	31861	33649	42450	44624	38285	29769	30390	36178	19469
AT1G20696.2;AT1G20696.1	HMGB3, NFD3, NFD03 - high mobility group B3	8.83E-01	1.10	63	1	1	45988	38878	36805	20835	48428	43534	27558	29228	30248	35754	44290	91833
AT5G66760.1;AT2G18450.1	SDH1-1 - succinate dehydrogenase 1-1	8.83E-01	1.01	166	3	3	38980	27479	46405	49160	47388	45720	36118	42856	34805	31246	46352	60179
AT2G17790.1	VPS35A, ZIP3 - VPS35 homolog A	8.84E-01	1.00	268	5	4	120121	127172	73083	95862	115094	123801	100780	132049	99849	113279	114256	96958
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	8.84E-01	1.00	1413	24	24	5528300	5216432	7577093	8107541	5370608	5298864	7050729	6988214	6087354	6205995	5551803	5308869

AT5G43310.1	COP1-interacting protein-related	8.84E-01	1.40	60	1	1	33281	52564	18293	18573	25721	30463	10356	15402	28765	18623	88741	88297
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	8.86E-01	1.02	581	13	13	2259670	2303737	1923049	1879485	2028903	1988594	1471486	1432097	1910075	1880593	2976803	2985345
AT5G12470.1	Protein of unknown function (DUF3411)	8.88E-01	1.05	28	1	1	12250	6239	1535	1524	8905	6163	10396	7478	6780	5702	1865	2600
AT5G64540.1	unknown protein; Has 2125 Blast hits to 1062 proteins in 182 species: Archae - 6; Bacteria - 116; Metazoa - 913	8.88E-01	1.00	25	1	1	9381	5344	7295	9619	9371	11006	4779	5887	10489	8974	10715	10945
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	8.89E-01	1.02	1687	28	26	4057816	4351983	2759029	2815568	3758937	3892652	3856333	4008601	3761671	3739211	3089021	2743018
AT1G04080.1;AT1G04080.2;AT1G04080.3	PRP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.90E-01	1.00	1367	22	22	2251132	2504974	1891570	2100356	2420847	2451579	2227426	2252638	2226297	2178293	2419983	2350911
AT4G33500.1	Protein phosphatase 2C family protein	8.90E-01	1.01	317	6	6	205340	259277	317727	350129	200662	215906	278722	294209	240260	247563	253282	227051
AT4G32590.1;AT4G32590.2	2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	8.91E-01	1.00	97	2	2	21302	29783	36559	32461	22343	18996	30278	27268	26359	29001	20127	27899
AT1G13110.1;AT1G13090.1	CYP71B7 - cytochrome P450, family 71 subfamily B, polypeptide 7	8.91E-01	1.01	83	3	2	60889	52073	34124	27449	57727	59382	53661	53839	42021	41069	57474	40374
AT4G36730.1;AT4G36730.2	GBF1 - G-box binding factor 1	8.91E-01	1.14	153	2	2	137092	145205	107100	112419	121674	134447	84240	81482	103783	114349	231414	247624
AT1G29400.1	AML5, ML5 - MEI2-like protein 5	8.93E-01	1.02	119	2	2	72311	84939	76518	88475	75380	85264	67212	53870	70197	71571	132160	99385
AT5G57900.1	SKIP1 - SKP1 interacting partner 1	8.93E-01	1.02	23	1	1	55468	47316	74145	55542	84156	57793	93765	83455	64822	35390	37040	67675
AT1G74070.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	8.93E-01	1.00	20	1	1	38977	40777	46630	40163	46918	36100	44588	40016	47131	43053	29266	44462
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	8.94E-01	1.01	701	14	14	1314101	1349056	1701955	1836605	1389447	1437069	1620671	1720689	1544582	1628373	1393635	1205560
AT1G02860.1	transcription regulators	8.96E-01	1.07	90	3	2	19652	24749	6117	6074	19101	17881	14887	15027	23462	10794	11514	11868
AT1G67280.1;AT1G67280.2	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein	8.96E-01	1.01	130	3	3	159954	196320	178194	203170	192659	204426	210337	210913	193972	187294	183383	158683
AT1G61150.2;AT1G61150.1;AT1G61150.5	LisH and RanBPM domains containing protein	8.97E-01	1.02	53	2	2	28013	25293	38870	29940	27275	29646	29002	23038	31509	27252	42449	29695
AT5G51100.1;AT4G00651.1	FSD2 - Fe superoxide dismutase 2	8.97E-01	1.02	360	6	6	357627	307281	346609	379263	387731	352816	332545	301964	440278	411653	295795	389973
AT5G02870.1;AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family	8.99E-01	1.01	115	3	3	55351	62436	83775	88004	65322	61107	54247	51215	72455	73529	78273	80537
AT3G05000.1	Transport protein particle (TRAPP) component	8.99E-01	1.00	78	2	2	84089	74548	67381	70814	81917	72535	80378	77777	76161	89936	67610	58063
AT3G47370.1;AT3G45030.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	8.99E-01	1.01	44	1	1	64566	62959	64651	79080	55616	60479	65017	58687	55562	59719	83415	62410
AT5G44980.1	F-box/RNI-like/FBD-like domains-containing protein	9.01E-01	1.04	24	1	1	33562	41260	30043	28502	28841	34795	28325	30532	19587	23307	60624	43359
AT4G21105.1	cytochrome-c oxidases;electron carriers	9.02E-01	1.01	26	1	1	3577	4172	4930	6483	5912	6013	4689	4627	4383	4660	7231	5810
AT5G63220.1	unknown protein	9.02E-01	1.00	96	2	2	34750	30093	25445	22789	37680	40672	29292	33912	28076	27698	37600	34681
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	9.02E-01	1.00	5548	87	20	2928223	3125474	2002411	2163474	3085669	3156248	3138670	3023882	2645018	2531853	2638179	2469635
AT3G57090.1	BIGYIN, FIS1A - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.03E-01	1.02	55	1	1	56007	43440	52331	53259	55926	57152	70952	62482	56357	64772	37522	32174
AT2G42130.4;AT2G42130.1;AT2G42130.2;AT2G	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	9.03E-01	1.01	813	15	15	3439601	3453940	4049275	4189888	3602937	3551265	4137285	3975272	4017917	3892768	3426734	3057807
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	9.04E-01	1.00	141	4	4	60982	69891	65430	77329	64200	52703	77248	82428	54304	59825	61290	53804
AT3G23600.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.05E-01	1.02	23	1	1	82151	75844	56784	54533	85718	103401	81564	75251	93261	90172	57787	51659
AT1G74040.1;AT5G23010.1	IMS1, MAML-3, IPMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	9.06E-01	1.04	1013	18	4	15926	22801	40005	36065	35840	35431	31491	37760	29701	36967	19661	22705
AT1G22060.1	unknown protein	9.08E-01	1.03	29	1	1	23693	26737	24484	30937	24942	25979	20692	26560	19946	17314	42541	34644
AT3G22110.1;AT4G15165.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	9.08E-01	1.09	103	2	2	16287	13234	31053	39259	25514	22511	24626	25846	21372	21050	19872	23495
AT5G04410.1	NAC2, anac078 - NAC domain containing protein 2	9.08E-01	1.49	20	1	1	1282	1054	9904	6580	490	1357	4926	2964	430	2213	1775	1569
AT1G76890.2	GT2, AT-GT2 - Duplicated homeodomain-like superfamily protein	9.09E-01	1.07	156	3	2	54772	71765	69105	86420	56975	76999	39441	43741	58484	60767	133315	108511
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	9.10E-01	1.00	221	6	6	449265	426676	508105	555584	545369	556468	479283	522381	469688	488850	571831	519183
AT5G24520.1	TTG1, TTG, URM23, ATTTG1 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.11E-01	1.00	96	2	2	88813	79451	97202	95600	97702	104931	91822	113053	89800	83396	102243	80880
AT5G40490.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.12E-01	1.36	53	1	1	6741	6218	6041	4390	4213	3952	3471	3850	3614	2298	18166	11573
AT2G07727.1	Di-haem cytochrome, transmembrane;Cytochrome b/b6, C-terminal	9.13E-01	1.01	22	1	1	20566	18710	7799	8578	19281	22111	24408	23745	14025	14241	9614	11635
AT3G23280.2	XBAT35 - XB3 ortholog 5 in Arabidopsis thaliana	9.13E-01	1.01	30	1	1	81761	66506	123187	85138	112033	98032	107244	94133	91427	99338	82897	88063
AT5G13710.1	SMT1, CPH - sterol methyltransferase 1	9.16E-01	1.01	121	2	1	2563	4951	4491	8370	6389	7861	7371	9094	4525	6028	2056	5331
AT5G11040.1	TRS120, ATTRS120 - TRS120	9.18E-01	1.01	186	3	3	110068	97598	92953	106505	130633	143683	113256	142569	138114	98611	100746	84073
AT4G38470.1	ACT-like protein tyrosine kinase family protein	9.18E-01	1.00	20	1	1	246302	192469	213318	261735	170302	208959	196605	216232	254705	211753	233502	185083
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	9.18E-01	1.11	86	2	2	57902	64471	82330	107556	61619	74415	101227	101346	109624	108662	40734	35370
AT5G19850.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	9.18E-01	1.05	22	1	1	6990	6596	6231	4778	12382	12737	8044	11835	7439	9666	5882	4702
AT5G16010.1	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein	9.18E-01	1.08	39	1	1	18935	17201	13705	13785	18322	11926	27459	28118	14841	13101	8584	9044
AT4G33680.1	AGD2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	9.18E-01	1.04	40	1	1	1897	1930	2708	1099	1175	1051	2155	2673	1384	2567	592	920
AT2G44175.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	9.19E-01	1.02	26	1	1	6154	8826	5625	8022	8170	4976	6264	7474	5410	6708	10863	5888
AT5G15200.1;AT5G15200.2;AT5G39850.1	Ribosomal protein S4	9.20E-01	1.01	354	8	8	764355	759857	811441	860829	712559	785318	625409	650399	728837	761878	1102989	862526
AT5G02280.1	SNARE-like superfamily protein	9.20E-01	1.01	73	2	2	101982	115411	57721	132401	67960	147597	90950	131060	112462	130045	71803	80767
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	9.22E-01	1.00	504	8	8	598887	650449	553790	626476	576481	598845	622256	628778	576629	575217	601797	587327
AT4G34090.1;AT4G34090.2	unknown protein	9.23E-01	1.01	356	7	7	309256	294626	341196	367112	291500	315573	380584	415949	332528	319013	256211	229974
AT2G03390.1;AT2G03390.2	uvrB/uvrC motif-containing protein	9.23E-01	1.00	843	12	12	1066888	1590965	1394396	1672053	1172794	1398900	1226358	1421834	1286268	1471968	1601307	1289109
AT3G04880.1	DRT102 - DNA-damage-repair/toleration protein (DRT102)	9.24E-01	1.01	24	1	1	22004	21927	27441	30697	18176	20758	17442	18007	18573	21753	30365	36469
AT4G24480.1	Protein kinase superfamily protein	9.24E-01	1.02	45	2	2	111307	125175	171756	149173	124439	117454	134267	141974	183038	149716	102188	104438
AT1G17720.2;AT1G17720.1	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	9.24E-01	1.01	481	8	6	259945	247684	328761	301645	298270	293451	342408	306962	290847	274555	254270	271285
AT4G02030.1;AT4G02030.2	Vps51/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	9.25E-01	1.01	435	9	9	183447	184003	138127	134628	161974	173877	160826	134464	146459	164651	174678	203457
AT3G53990.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	9.28E-01	1.02	74	1	1	166748	183307	218888	249323	175190	218767	246757	243413	219054	227383	161419	141179
AT2G36880.1	MAT3 - methionine adenosyltransferase 3	9.30E-01	1.00	143	3	2	47073	59588	45472	44267	52738	48310	52840	53957	37192	46922	53547	51860
AT4G19710.2;AT4G19710.1	AK-HSDH II, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	9.31E-01	1.05	564	10	5	168261	177035	79464	102418	157724	145166	121626	135611	118669	128279	151615	135664
AT2G21620.1;AT2G21620.2	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	9.31E-01	1.04	32	1	1	90593	94292	69211	67623	49259	70524	51002	48512	54476	63379	118692	123269
AT1G53240.1	mMDH1 - Lactate/malate dehydrogenase family protein	9.33E-01	1.05	58	2	1	1901	9267	6854	9050	5378	6620	4813	7466	5489	5453	9784	4250
AT2G44530.1	Phosphoribosyltransferase family protein	9.34E-01	1.00	651	10	8	617141	669468	732760	781988	674156	703930	762178	800264	719244	717768	624572	552717
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	9.34E-01	1.01	254	5	5	2677350	2199499	2750546	2457754	2101820	2215141	2150253	2188855	2879521	3044203	2173550	2152756
AT5G05540.1	SDN2 - small RNA degrading nuclease 2	9.36E-01	1.04	26	1	1	31420	27673	47596	31124	29556	20904	35930	34223	42858	42715	23554	16465
AT4G16430.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	9.37E-01	1.11	21	1	1	4102	6828	9650	8470	11254	11035	5621	6843	3303	6261	17257	17782
AT2G41560.1	ACA4 - autoinhibited Ca(2+)-ATPase, isoform 4	9.37E-01	1.00	118	1	1	34100	36458	18373	24822	36736	34922	36315	42010	30865	24039	25280	27276
AT1G24160.1	unknown protein	9.37E-01	1.04	54	2	1	19208	18324	20948	16231	17030	16786	12929	14110	18652	18821	26744	21123
AT4G16390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	9.38E-01	1.01	253	6	5	85792	87145	44862	48787	71166	62674	69222	81912	64316	69100	65776	46998
AT2G20140.1;AT4G29040.1	AAA-type ATPase family protein	9.39E-01	1.03	635	13	13	481079	488367	880086	772319	570456	592136	596867	575309	577083	551666	737275	635633
AT5G35170.1;AT5G35170.2	adenylate kinase family protein	9.40E-01	1.01	865	20	19	1393136	1317803	1581048	1580755	1510314	1482266	1669220	1648619	1617766	1675497	1126720	1176705
AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	9.40E-01	1.03	907	12	11	31885313	30289731	28136082	28859209	16853646	17993357	17541928	17322986	20632490	19635066	43848281	40058052
AT3G63460.1;AT3G63460.2;AT3G63460.3	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	9.42E-01	1.00	1598	30	30	3768388	3687116	3200348	3346262	3758352	3683327	3725210	3566023	3302667	3193087	3863898	3734749
AT5G55850.2;AT5G55850.1	NOI - RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	9.42E-01	1.02	72	1	1	82431	75656	41684	60551	75846	82298	78148	77503	72993	74142	53295	53020
AT1G73430.1	sec34-like family protein	9.42E-01	1.03	126	4	3	61772	72297	39033	35533	45115	61972	62002	53989	57534	48251	42469	41319
AT3G13235.1	ubiquitin family protein	9.43E-01	1.03	207	5	5	129587	124826	222957	217841	183354	166749	166839	162491	171951	166588	181417	162879
AT1G27880.1	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein	9.44E-01	1.06	48	2	1	4586	4432	2395	2442	5350	4852	3330	3525	3145	1538	7563	6375
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	9.44E-01	1.13	89	1	1	1194	1356	3153	5819	4180	4965	687	1720	4252	7432	5849	3430
AT3G54350.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	9.46E-01	1.00	88	2	2	17984	26150	20319	16164	14943	16246	13538	18645	19611	19733	16770	24002
AT3G09030.1	BTB/POZ domain-containing protein	9.47E-01	1.05	116	3	3	46633	33286	44673	35409	41824	39493	58447	64625	34626	35660	30291	30475
AT1G04400.1	CRY2, FHA, AT-PHH1, PHH1, ATCRY2 - cryptochrome 2	9.48E-01	1.01	75	2	2	14329	11654	7954	8740	10884	8694	11473	9680	6608	11797	12458	10734
AT1G14030.1	Rubisco methyltransferase family protein	9.49E-01	1.01	337	7	7	143938	135866	133188	142621	189525	181767	172071	171576	172088	150794	126994	127086
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	9.49E-01	1.01	1495	26	12	1434185	1381449	1733438	1866183	1470989	1507369	1849048	1807042	1688617	1655959	1291005	1219041
AT1G08450.1	CRT3, PSL1, EBS2, AtCRT3 - calreticulin 3	9.50E-01	1.16	21	1	1	22238	30088	23432	23559	24077	26901	15470	13900	19185	19038	60621	45580
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	9.52E-01	1.00	1184	22	21	762904	762135	854044	817565	974892	1029830	1000350	1000852	799581	855678	853332	716536
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	9.52E-01	1.01	4953	81	32	3900322	3684674	5141581	4950949	3730233	3874772	4397894	4554490	4199253	4363061	4407841	3171970
AT1G31800.1	CYP97A3, LUT5 - cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	9.53E-01	1.01	335	7	6	307082	316019	246402	258536	352149	335358	354860	366911	337443	303502	244595	232057
AT2G33010.1	Ubiquitin-associated (UBA) protein	9.53E-01	1.01	24	1	1	65645	73218	76842	82455	56252	52746	58903	56558	69925	66403	69521	81307
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.53E-01	1.02	20	1	1	14604	10404	13017	13594	15739	13531	16171	13796	16758	15460	10365	9946
AT1G67840.2;AT1G67840.1	CSK - chloroplast sensor kinase	9.53E-01	1.00	166	3	3	50793	53527	59954	68344	46354	51784	55953	61079	69023	57055	46096	41661
AT5G27770.1	Ribosomal L22e protein family	9.53E-01	1.10	45	2	1	57396	56993	30805	37106	41258	45226	28610	29024	37747	36429	76402	86615
AT1G23310.1;AT1G70580.1	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	9.53E-01	1.00	527	11	9	701513	730849	760986	795903	760911	754430	789689	808904	683324	746781	783286	706355
AT2G41220.1	GLU2 - glutamate synthase 2	9.55E-01	34.16	58	2	1	0	532	0	542	446	0	0	0	0	0	28587	23315
AT1G15480.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.58E-01	1.02	20	1	1	83772	87115	102591	113568	82349	83243	99247	108979	113149	111000	69554	64085
AT4G39320.1	microtubule-associated protein-related	9.58E-01	1.11	28	1	1	106652	106550	65863	76420	72090	80721	44497	47613	75119	76564	168074	150284
AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	9.58E-01	1.02	8791	122	1	8412786	7672874	13827056	11093044	9140596	8676287	11639370	12287922	12017119	12351043	5480074	6380184

AT5G67030.1;AT5G67030.2	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1)	9.59E-01	1.02	479	10	10	238896	234763	195421	192476	243232	229104	286021	263741	256518	221704	156104	181507
AT1G04260.1	MPI7, MPIP7, PRA1.D - CAMV movement protein interacting protein 7	9.59E-01	1.02	32	1	1	35012	37625	27424	31093	40207	45772	36748	53802	38339	36216	27532	28443
AT4G24550.2;AT4G24550.1	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	9.60E-01	1.01	415	9	8	859661	842515	611923	673604	806861	820505	754788	776901	739831	754783	813448	728542
AT2G37540.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.61E-01	1.00	94	2	2	50457	76437	63069	69852	61757	65190	75060	76145	63737	62646	51965	56225
AT5G14030.1	translocon-associated protein beta (TRAPB) family protein	9.62E-01	1.06	23	1	1	7483	9954	3272	3560	9806	8989	7240	5630	7651	4087	7943	8086
AT2G18960.1;AT1G17260.1;AT2G07560.1;AT2G	AHA1, PMA, OST2, HA1 - H(+)-ATPase 1	9.63E-01	1.00	833	18	4	642946	588991	381846	410102	586049	583737	621736	662792	479762	513294	497511	415050
AT5G09900.1;AT5G09900.2;AT5G09900.3;AT5G	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	9.64E-01	1.01	746	18	18	1299008	1312477	873840	991026	1109371	1164262	1086343	1140164	1022325	1049545	1269329	1108216
AT3G43590.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	9.65E-01	1.49	26	1	1	1726	1417	458	600	994	491	330	438	479	374	2637	4197
AT3G14390.1;AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	9.66E-01	1.05	32	1	1	4114	3680	4707	3418	5181	3144	4072	4095	2939	2606	4652	6973
AT3G10920.2;AT3G10920.1	MSD1 - manganese superoxide dismutase 1	9.66E-01	1.04	90	3	2	21348	15687	23698	22663	20838	19142	28331	27093	24701	19044	12772	16145
AT5G25980.2	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	9.67E-01	1.00	391	7	5	273104	357937	298281	337296	266962	297407	299807	340477	251739	313835	344009	276601
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	9.68E-01	1.02	3231	62	62	13064856	13249719	8175425	8703898	11208427	11269465	11127493	10983410	11726340	11823010	9648873	9302531
AT1G29310.1;AT2G34250.1	SecY protein transport family protein	9.69E-01	1.40	57	1	1	4616	3339	915	313	4522	3958	3099	1912	1774	1640	1500	2735
AT2G20960.1	pEARLI4 - Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	9.69E-01	1.14	179	6	5	404837	399052	274480	272928	342521	397978	196783	175632	322897	284296	659117	742284
AT1G03740.1	Protein kinase superfamily protein	9.70E-01	1.03	26	1	1	3779	4176	12355	7308	4621	3413	8630	9335	4390	4589	3305	4457
AT1G80210.1	BRCC36A, AtBRCC36A - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	9.71E-01	1.04	160	3	3	28879	24269	30091	30009	23149	17384	23558	22359	17724	19678	44583	32246
AT1G32220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.74E-01	1.00	659	9	9	1817128	1683156	2200295	2360687	1973593	2074580	2228758	2295460	2198493	2098927	1787911	1515135
AT1G05690.1	BT3 - BTB and TAZ domain protein 3	9.74E-01	1.11	23	1	1	29864	33153	55290	54078	51223	46420	22517	20167	47156	47489	76345	85875
AT3G47650.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	9.74E-01	1.00	130	2	1	36351	50830	44836	37570	34548	44586	35375	33494	37838	42461	47808	51699
AT2G27720.1;AT2G27720.2	60S acidic ribosomal protein family	9.76E-01	1.14	1074	15	9	12036128	11540104	10556739	10746028	10456410	9867378	6221283	6547897	10204892	9363045	21524049	20204627
AT2G43730.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	9.77E-01	1.13	22	1	1	3043	22384	9920	31054	11753	20903	18487	17888	20481	17967	6361	6182
AT5G16390.2;AT5G15530.1;AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1, CAC1-A, BCCP-1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	9.77E-01	1.01	326	7	6	1218447	1131650	1619507	1694602	1241328	1264771	1320923	1361597	1543165	1485049	1144328	1241240
AT3G62310.1;AT2G47250.1	RNA helicase family protein	9.79E-01	1.11	61	1	1	4731	3382	1769	465	3799	3302	1472	1952	1253	3587	3732	3661
AT3G01510.1	LSF1 - like SEX4 1	9.79E-01	1.00	192	4	4	51369	60937	55026	59924	61863	66215	51371	57141	63120	51275	73383	59990
AT5G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGER3, GER3 - germin 3	9.80E-01	1.00	265	3	3	1064893	1131439	1172691	1365694	1095520	1280832	1022269	1110821	1256623	1181214	1347911	1201991
ATCG00660.1	RPL20 - ribosomal protein L20	9.80E-01	1.02	101	2	2	45725	61451	28185	26816	39495	40993	40803	32511	28886	41900	55215	39713
AT4G20360.1	ATRAB8D, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	9.81E-01	1.00	4413	66	65	84426073	79087675	118364939	117566851	94039466	96797775	108073152	104782333	110733177	104010984	81352877	78667121
AT3G02750.1	Protein phosphatase 2C family protein	9.82E-01	1.00	22	1	1	74675	105490	66666	94207	82657	96056	79879	86880	67951	68043	108774	110757
AT3G61050.1	NTMC2TYPE4, NTMC2T4 - Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	9.82E-01	1.03	23	1	1	77862	67109	54781	51043	72606	88605	104729	94644	49100	64653	68442	44633
AT1G20330.1	SMT2, CVP1, FRL1 - sterol methyltransferase 2	9.83E-01	1.01	150	4	4	76509	60458	40817	34060	71079	82012	88206	72083	64527	66954	42020	33402
AT2G27820.1	PD1, ADT3 - prephenate dehydratase 1	9.83E-01	1.02	438	8	4	153325	177739	151001	187437	168501	198823	210453	206687	183405	200364	123395	132889
AT5G45150.1	RTL3 - RNAse THREE-like protein 3	9.83E-01	1.01	37	1	1	5167	6419	8764	8641	6220	7127	6769	7545	5985	6855	8063	6509
AT4G29840.1;AT1G72810.1	MTO2, TS - Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein	9.83E-01	1.08	34	1	1	3450	2789	7029	4243	6588	5040	8320	6872	6087	5612	1823	2779
AT5G08740.1	NDC1 - NAD(P)H dehydrogenase C1	9.84E-01	1.04	84	2	2	16270	16668	12310	15407	21218	15021	23086	17179	23050	16898	9657	10767
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	9.84E-01	1.00	26	1	1	8268	8304	11785	14026	8225	10362	9594	9726	11824	11782	11105	6803
AT2G05270.1	unknown protein; Has 3 Blast hits to 3 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	9.85E-01	1.11	23	1	1	86112	80186	62773	58124	74944	61343	53181	50986	48661	48064	158770	112163
AT4G21430.1	B160 - Zinc finger, RING-type;Transcription factor jumonji/aspartyl beta-hydroxylase	9.86E-01	1.07	22	1	1	53462	20642	24665	14083	37080	41102	40229	37076	30536	22916	26754	21452
AT3G44310.1;AT3G44300.1;AT3G44310.2;AT3G	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	9.86E-01	1.00	2442	33	29	27619346	27255476	31539046	31346382	28899569	28222759	33091909	32307238	29905692	28878064	26010354	25414841
AT1G17500.1	ATPase E1-E2 type family protein / haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	9.87E-01	1.09	30	1	1	4308	2843	6368	3446	4021	3530	8352	4198	5280	4080	1574	3295
AT1G76030.1;AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	9.87E-01	1.00	4213	61	16	2261087	2096857	3089947	3029233	2700816	2690413	3046764	2821645	2382914	2423044	2716698	2409570
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation factor 3A	9.88E-01	1.00	417	11	9	382862	498811	322666	362839	499700	513577	429735	499804	515568	482479	369984	293576
AT1G66720.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	9.88E-01	1.05	22	1	1	14643	17315	44784	47654	20301	19326	14612	23462	25503	28536	46537	17840
AT4G21210.1;AT4G21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	9.89E-01	1.01	616	12	10	1071471	1171613	1764310	1952882	1287556	1291346	1568397	1577657	1543804	1515436	1159767	1060345
AT3G57890.1;AT3G57890.2	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	9.89E-01	1.00	758	12	11	907380	970749	927926	1052275	886612	1010781	920012	894291	879314	885027	1141453	1050131
AT3G08943.1;AT3G08947.1	ARM repeat superfamily protein	9.90E-01	1.01	1084	22	22	2336896	2336383	1648265	1701849	2166007	2272676	2247342	2223291	2216284	2197728	1750896	1758471
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	9.90E-01	1.05	160	3	2	46373	60210	34504	37047	34778	31560	30788	22575	37217	34939	59588	71661
AT3G11940.1	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	9.90E-01	1.00	358	5	1	646211	613966	696500	665991	710873	716682	742151	720791	579125	585177	755195	682141
AT5G07120.1	SNX2b - sorting nexin 2B	9.91E-01	1.09	214	4	4	183698	209422	123394	149557	139451	161411	94429	106923	131816	142437	285417	291018
AT5G23680.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	9.92E-01	1.02	43	2	1	13390	16883	16591	12556	14261	16259	12443	13225	13485	13114	15720	23702
AT5G37640.1;AT2G47110.1;AT3G09790.1	UBQ9 - ubiquitin 9	9.92E-01	1.05	144	2	2	146047	171278	122270	106366	168183	171426	115525	128351	96222	127576	277774	183506
AT4G12770.1;AT4G12780.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	9.92E-01	1.32	277	6	6	290218	248921	215328	231029	202763	215486	124270	128206	154773	155134	681384	614639
AT1G17460.2	TRFL3 - TRF-like 3	9.92E-01	1.03	28	1	1	28410	22095	13354	10647	17316	12721	21326	19663	12724	11147	17955	18212
AT5G04800.1;AT2G04390.1;AT3G10610.1	Ribosomal S17 family protein	9.93E-01	1.04	78	1	1	19780	21200	39319	36622	20606	20765	22463	28098	29048	27517	24403	20821
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	9.93E-01	1.02	1668	26	21	2634371	2742364	4292312	4694234	3033015	3238468	3594951	3809656	3269587	3283971	3420489	2858754
AT1G70770.1;AT1G23170.2	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	9.95E-01	1.05	238	6	5	163912	169263	117334	119758	180097	177659	112712	108055	119646	149646	208922	271839
AT3G05260.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.95E-01	1.13	22	1	1	23827	16162	12828	20325	14157	19300	8147	8967	18158	18493	33578	32972
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	9.97E-01	1.03	198	5	1	42071	42627	26146	40972	35700	30626	49635	51508	32565	37875	29853	22401
AT5G41210.1	ATGSTT1, GST10, GSTT1 - glutathione S-transferase THETA 1	9.98E-01	1.02	41	1	1	15266	12894	10669	10957	13589	14971	18663	13994	13234	15295	10031	8842
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	9.99E-01	1.02	450	7	5	237511	298244	444756	515770	326937	321188	416093	369704	354108	384752	302271	269077
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	1.00E+00	1.00	144	2	2	51310	50049	45070	37705	49497	55438	46662	46006	43862	50181	61574	41171

Tabelle B16-a

7-8h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G21130.1	O-methyltransferase family protein	6.26E-09	24.19	260	1	1	4	4	AT1G21110.1;AT1G21100.1	98427	102755	217044	139579	194138	118847	4893	5835	3699	6718	8247	6613
AT2G41100.1	TCH3, ATCAL4 - Calcium-binding EF hand family protein	4.52E-08	6.73	70	1	0	2	2		17835	30539	17913	24981	22351	20354	3287	3254	3409	3529	2071	4354
AT4G22690.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	8.65E-08	4.92	436	4	1	8	8		189584	151987	222542	262885	324233	195674	46303	47696	40323	52289	42494	44395
AT2G02010.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	1.68E-07	4.65	365	0	2	5	4	AT1G65960.1;ATSG17330.1	173433	156289	213661	167512	179890	188074	47437	40726	38329	49606	23073	32717
AT5G05730.1	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	5.10E-07	4.21	191	3	1	4	4	AT3G55870.1;ATSG05730.2	175656	127191	195475	211968	206579	158395	48358	52235	39070	53156	32331	30247
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	9.84E-07	4.55	2011	3	2	28	26		1473593	1413197	2838356	2727186	2856696	2483756	444870	545415	462523	544384	528095	508959
AT1G80840.1	WRKY40, ATWRKY40 - WRKY DNA-binding protein 40	1.21E-06	12.89	65	4	1	1	1		12852	9090	15889	8362	12862	12457	1187	834	531	324	1079	1596
AT1G60740.1	Thioredoxin superfamily protein	1.58E-06	8.59	92	0	1	2	2	AT1G65970.1	38913	31734	71795	52899	46622	41050	8368	7595	2878	3764	6852	3476
AT2G32240.1	unknown protein	3.08E-06	5.11	1211	1	1	24	21		965886	993742	549242	471542	448468	445101	158044	145520	121206	120036	114998	98071
AT4G02940.1	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	3.24E-06	9.09	139	4	2	3	3		14772	37551	22859	19643	28123	15701	1692	1679	5664	1545	2169	2501
AT3G26830.1	PAD3, CYP71B15 - Cytochrome P450 superfamily protein	3.65E-06	9.72	95	1	1	2	2		19044	20017	52553	60853	52974	46941	5106	6205	2783	4239	3959	3667
AT2G38470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	3.83E-06	9.53	469	5	0	5	5		1571229	1709568	719950	524311	548363	764005	100196	128555	124891	106381	59892	92692
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	5.37E-06	9.47	267	3	1	4	4		784623	677385	302039	233573	244659	215570	55721	45182	36009	43936	39180	39477
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	6.16E-06	16.72	419	0	1	6	2		302589	393806	147857	74642	135193	71624	11648	11695	13177	11238	13065	6485
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	9.91E-06	6.46	112	3	3	2	2		29093	26052	33235	45698	53674	27907	7756	10200	5620	3260	3311	3213
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	1.33E-05	10.93	311	8	4	4	4		1301815	1323145	555318	341783	514724	303422	57972	65182	75857	101881	48704	47375
AT5G37600.1	ATGSR1, GLN1;1, GSR 1, ATGLN1;1 - glutamine synthase clone R1	1.41E-05	3.30	94	0	1	3	3		24729	26075	41885	41161	48489	41349	11963	10877	14743	7495	9493	13181
AT5G49620.1	DIN11 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	2.57E-05	176.49	34	3	1	1	1		9716	18381	3722	9236	9749	7523	314	11	0	0	0	5
AT1G70770.1	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	2.87E-05	4.90	134	2	0	4	4	AT1G23170.2	123006	107320	62228	42613	62848	55728	11785	20239	19891	18509	13492	8624
AT2G26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	3.52E-05	3.40	715	3	1	10	10		431663	446467	779928	910756	978853	901965	186146	215679	178445	215392	294547	217638
AT1G55450.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	6.42E-05	4.80	235	1	2	4	4	AT3G54150.1	48475	59441	51505	161011	123480	100422	25163	20497	13369	20579	14596	19262
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	7.43E-05	8.91	345	0	1	6	2		87776	105142	83341	71539	68196	40481	6723	8365	5689	15550	13442	1486
AT1G59870.1	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	8.25E-05	3.30	937	3	2	17	13	AT3G16340.2;AT3G16340.1	408858	398232	1035220	747511	937267	795181	219655	246168	166920	221417	244077	210705
AT4G38710.1	glycine-rich protein	1.08E-04	12.07	71	3	0	1	1		131894	127528	45145	51677	37719	13786	7819	4837	4841	8361	3813	4117
AT4G04330.1	Chaperonin-like RbcX protein	1.56E-04	3.15	57	1	0	1	1		67352	74097	174871	140093	160231	95180	45389	40708	28019	29370	39239	43495
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	1.63E-04	2.62	62	0	1	1	1		32033	47403	60929	53308	62928	32152	12954	13618	24032	23147	19484	16988
AT1G62020.1	Coatomer, alpha subunit	2.04E-04	3.76	97	8	8	2	1		26486	20024	12775	26037	17688	12683	2720	7921	7417	3848	6226	2630
AT5G12930.1	unknown protein; Has 1807 Blast hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 736;	2.32E-04	36.58	30	5	2	1	1		79585	58223	8656	15086	9343	18104	1055	1732	52	1552	524	252
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	2.99E-04	10.76	279	3	1	3	3		779764	689363	113086	149206	147004	186103	25785	27997	14547	30385	68752	24492
AT3G55760.1	unknown protein	3.24E-04	2.49	129	0	4	2	2		95023	100499	122320	66214	54989	103047	32425	23189	35724	31157	55326	39686
AT2G35130.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.36E-04	2.62	23	2	0	1	1		22172	11216	12395	13976	14429	14461	2894	7476	6021	8252	5274	3934
AT1G05520.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	4.08E-04	2.76	20	3	0	1	1		50335	47280	47020	26479	37700	25468	20418	19091	9927	11113	7921	16313
AT5G63490.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bem1 (PB1) domains-containing protein	4.50E-04	5.28	80	3	2	1	1		3867	17805	6686	5009	12107	4479	879	1183	3545	1429	1210	1207
AT2G41430.1	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	5.69E-04	3.49	201	2	0	3	3	AT2G41430.3	1577687	1498624	798539	657235	727773	477429	445369	200790	310595	316989	180368	191055
AT5G18490.1	Plant protein of unknown function (DUF946)	6.63E-04	Infinity	34	1	0	1	1		0	3924	580	970	436	1094	0	0	0	0	0	0
AT5G22060.1	ATJ2, J2 - DNAJ homologue 2	6.68E-04	7.55	123	1	0	3	1	AT3G44110.2	74998	65860	19247	12852	12247	24797	2918	2728	8634	7047	2657	3847
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.43E-04	2.73	248	5	1	5	5		286166	293101	140688	161203	146826	120015	48077	73580	111720	82680	52128	51565
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	7.43E-04	2.09	196	1	0	2	2		115096	137273	124559	113077	152621	83771	79335	41172	63200	81405	39767	42646
AT2G24200.1	Cytosol aminopeptidase family protein	7.68E-04	2.41	50	2	2	1	1		27635	40871	35802	30604	37934	20944	14488	12210	5854	17513	14508	15952
AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4 family	7.83E-04	5.08	86	9	5	3	2	AT2G20950.2	743866	869950	233087	286640	314938	408169	33081	58507	155841	199809	68806	45884
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4 family	8.40E-04	4.58	1940	16	9	33	32		8780655	9063091	2976669	2237360	2710026	3104712	851658	797229	1637428	1615734	763505	643574
AT3G26910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	9.28E-04	3.34	41	9	4	1	1	AT3G26910.2	23665	21986	13498	10345	12184	18115	2997	2356	7030	4207	10842	2465
AT2G21160.1	Translocon-associated protein (TRAP), alpha subunit	9.51E-04	2.98	114	1	0	2	2	AT2G21160.2	71374	64787	69931	52086	53311	24539	8412	25842	15268	27135	19588	16553
AT2G40000.1	HSPRO2, ATHSPRO2 - ortholog of sugar beet HS1 PRO-1 2	9.79E-04	7.40	88	3	0	2	2		4431	6236	25138	29463	34732	15852	2506	1841	1144	2624	4167	3368
AT5G04020.1	calmodulin binding	9.81E-04	3.32	72	4	6	2	2		121820	124707	343858	282519	278502	419973	102895	103721	57731	64716	53334	90225
AT1G51805.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	1.03E-03	5.32	21	4	4	1	1		26157	37162	48342	37138	22187	46991	13051	6529	5432	4339	10769	835
AT4G34390.1	XLG2 - extra-large GTP-binding protein 2	1.08E-03	6.11	82	5	0	1	1		43205	32023	7444	9434	17535	10189	3306	2503	7638	1966	1126	3086
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	1.16E-03	2.68	151	1	1	3	1		21717	39493	19972	27643	33317	28253	5800	11893	14318	19253	6961	5341
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	1.18E-03	3.93	30	1	1	1	1		7782	8347	9215	13392	5747	3778	638	3278	1039	1463	2682	3188
AT5G13560.1	unknown protein	1.19E-03	2.90	304	6	1	5	5		566758	494072	214254	173471	212675	274450	93928	75705	136640	130176	125915	104864
AT4G29610.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	1.21E-03	18.55	22	0	1	1	1		44565	100141	6570	7251	6746	7746	781	1403	2041	1821	2566	718
AT1G09210.1	ERF, ACD4, ERT1 - ethylene-forming enzyme	1.23E-03	2.16	43	0	0	1	1		17855	19284	12653	12758	17073	19406	3677	7150	6918	5079	10029	5808
AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.28E-03	3.07	131	5	0	6	4	AT5G46870.1	74542	66692	60109	27801	27358	41188	21582	13392	17278	18226	6800	19620
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	1.28E-03	3.70	300	1	0	4	2	AT5G44340.1;AT2G29550.1	150149	197935	164336	284280	130101	158951	11712	105108	77201	44016	28010	27745
AT4G02520.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	1.29E-03	2.79	236	0	1	3	3	AT2G02930.1	238823	296762	224007	135535	142890	87057	37229	59428	70143	75727	86585	73468
AT4G12780.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	1.31E-03	2.02	247	7	2	4	1		82403	86931	59854	60041	64129	43427	18746	43798	34348	40623	31473	27305
AT1G13960.1	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	1.33E-03	3.45	27	6	1	1	1		8524	6905	8067	4147	3476	3311	1655	2109	1523	2404	512	1781
AT1G08870.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	1.47E-03	2.63	26	2	2	1	1		42126	56071	46042	72178	49729	45766	12188	50490	19865	11798	9008	15279
AT2G26530.1	AR781 - Protein of unknown function (DUF1645)	1.67E-03	6.10	203	7	2	4	4	AT2G26530.2	288251	273680	76029	48618	55428	66580	22834	24326	10167	15310	38423	21541
AT1G20200.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	1.85E-03	2.18	261	0	1	5	4	AT1G75990.1	259428	263526	229266	192743	284424	106640	91124	104788	113330	138846	100400	65765
AT5G22780.1	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	2.06E-03	2.37	133	7	3	2	2		68288	84589	155241	131555	159466	74347	68124	38884	41921	64938	28689	41476
AT3G10420.2	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.09E-03	6.89	65	9	1	1	1	AT3G10420.1	24441	21583	10432	4515	5756	4322	347	730	3630	1812	2576	1223
AT3G04580.1	EIN4 - Signal transduction histidine kinase, hybrid-type, ethylene sensor	2.14E-03	2.16	24	2	2	1	1		224751	176522	162887	91293	123708	101188	50028	60434	77509	108508	53913	57232
AT2G30770.1	CYP71A13 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 13	2.26E-03	3.43	109	2	0	2	2	AT1G11610.1	16285	14671	55383	31034	41452	19249	5784	7787	5548	6261	21239	5360
AT5G52310.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein	2.34E-03	3.19	749	9	3	12	12		16061541	17001387	5171017	7135890	5647214	6161616	1873998	2147725	3993756	5214694	2391822	2291425
AT5G15570.1	Bromodomain transcription factor	2.39E-03	3.08	26	0	0	1	1		9899	12694	7479	12576	8517	3409	1861	5458	3022	1581	1792	3989
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	2.42E-03	2.34	385	6	6	6	5		4720174	4089826	2394285	1977191	2674993	2415428	1221541	1153010	1801367	2026318	908691	698231
AT5G22650.1	SPC24, SPC24-like protein	2.45E-03	2.15	122	0	0	2	2		104150	124287	49120	34270	34830	34944	6213	6824	6918	5170	4967	4412
AT2G31660.1	SAD2, UBM9 - ARM repeat superfamily protein	2.52E-03	2.15	144	7	3	2	1		179074	228268	91940	115649	148431	96833	55032	53134	101896	48264	77668	64520
AT4G31580.1	SRZ-22, SRZ22, RSZP22, RSZ22, At-RSZ22 - serine/arginine-rich 22	2.61E-03	9.72	46	6	1	1	1		20488	19707	3132	4799	6681	1453	1317	1083	362	1917	299	812
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	2.61E-03	2.95	267	7	2	4	3		1201429	1405916	592650	488260	507290	343783	224297	224779	323678	347835	219866	200033
AT1G67090.1	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	2.68E-03	2.25	285	2	0	3	3	AT1G67090.2;ATSG38420.1	487509	535667	688521	794788	616805	350558	111250	388439	280073	326150	217241	223649
AT1G53800.1	ATRAD47, ARAD7 - ADP-ribosylation factor A2F	2.90E-03	2.18	213	0	0	2	2	AT1G23490.1	319561	298766	758726	630236	752232	596703	225439	249988	324459	226017	169111	226028
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.95E-03	2.87	75	7	7	2	1		21577	14128	12524	23175	23532	14462	2284	2193	6475	10105	8402	8608
AT3G13430.1	RING/U-box superfamily protein	3.06E-03	5.07	54	1	2	1	1		40638	20017	11342	5834	11327	4363	4035	4575	2524	1914	2999	2396
AT1G31930.1	XLG3 - extra-large GTP-binding protein 3	3.46E-03	5.02	79	8	3	2	2		121181	109542	26968	20812	19701	31394	9794	6784	13153	12799	13620	9496
AT5G54810.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	3.47E-03	3.08	175	2	1	2	2		116569	145076	126877	127052	82627	29974	22821	36555	19927	44061	35462	45224
AT3G15730.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	3.47E-03	2.81	255	2	3	5	5	AT1G52570.1	289167	293909	210461	148099	143007	140280	68384	66250	89397	144792	21543	44896
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	3.65E-03	4.55	52	0	1	1	1		23738	16979	5183	7975	9374	6003	1162	3580	3360	5402	514	1188
AT3G03880.1	ATPase E1-E2 type family protein / haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	3.69E-03	2.04	23	4	4	2	2		56564	68165	58977	47193	35808	37003	18604	23949	34629	40944	14920	15498
AT2G42730.1	F-box family protein	3.82E-03	4.08	27	3	0	1	1		14624	9079	13266	37385	41474	14799	5185	12712	5145	1937	1738	5296
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	3.95E-03	2.89	58	2	2	2	2		267774	242100	102981	66620	107442	135809	41217	44860	80854	81870	33908	36710
AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein / beige-related	4.03E-03	3.95	403	16	7	5	5	AT2G45540.2	570864	518973	158893	101912	204089	170929	49538	49016	98733	144733	46908	48415
AT3G56410.1	Protein of unknown function (DUF3133)	4.10E-03	5.30	279	17	3	5	5		301905	274553	47492	47179	64387	82388	45780	17719	26527	31822	14991	17497
AT2G33540.1	CPL3, ATCPL3 - C-terminal domain phosphatase-like 3	4.14E-03	2.34	46	2	5	1	1		157571	127833	91840	62354	112906	67056	35179	35381	55793	86115	26585	26279
AT1G77120.1	Alcohol dehydrogenase class-3 protein	4.15E-03	2.42	21	0	0	1	1		56100	47782	15455	37928	18104	22605	10434	17307	20115	7499	12076	10123
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	4.27E-03	3.22	267	8	5	4	2		69818	81497	321875	196839	307711	173197	61828	45587	50454	75079	76210	48633
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	4.28E-03	2.24	55	6	2	1	1		18385	18691	32345	23133	25904	12473	7392	8001	5143	19799	11374	6630
AT5G58310.1	ATMES18, MES18 - methyl esterase 18	4.28E-03	2.00	21	2	0	1	1		117890	130072	204255	120321	165018	148652	75556	29612	111508	85334	76584	64124
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	4.33E-03	2.62	85	3	0	2	2		85860	89580	45362	41036	52366	30351	33278	13938	27792	32445	10872	13262
AT4G31480.1	Coatomer, beta subunit	4.36E-03	2.41	190	5	2	3	3	AT4G31490.1	63626	46739	109396	85681	113104	62364	27769	37467	34889	65757	15075	18786
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;cysaline-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-	4.73E-03	2.33	38	10	1	1	1		48315	73070	26308	31186	25655	20519	13097	22780	13269	11616	16115	
AT3G49601.1	unknown protein	4.75E-03	3.40	109	0	0	2	2		198141	175502	67371	68218	52050	51854	26330	23591	41504	57543	14935	16597
AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	4.82E-03	3.30	72	6	1	1	1		293542	246195	138743	75758	71880	132372	60151	39107	71621	63297	17230	39211
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	4.99E-03	3.43	1113	2	7	25	24		52246328	47870018	17345285	11392488	15492649	16744159	6418888	5529247	10850742	14254767	4430923	5445652
AT4G08630.1	unknown protein	5.23E-03	2.43	35	7	6	1	1		208904	242186	143624	97840	118974	64181	38255	49799	66344	88389	54010	63990
AT5G51160.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.27E-03	2.30	100	2	2	1	1		35885	35145	20179	22718	17415	24372	16727	16931	5518	10762	4719	13140
AT5G61790.1	CNX1, ATCNX1 - calnexin 1	5.33E-03	2.74	568	2	1	9	5		4104560	3623314	1967033	1193672	1623004	1223902	660227	660227	708204	1072623	1375945	729850
AT1G79340.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	5.36E-03	2.11	49	1	1	1	1	AT1G79330.1	13297	12064	14799	17907	13265	6380	6790	2823	8939	6808	5696	5747
AT1G15520.1	PDR12, ATPDR12, ABCG40, ATABCG40 - pleiotropic drug resistance 12	5.54E-03	18.49	223	2	2	4	1		412	733	1457	1889	3818	4959	298	33	220	0	130	36
AT3G15980.1	Coatomer, beta' subunit	5.72E-03	3.20	210	1	1	3	1	AT3G15980.5	916573	955727	323310	271452	313353	289310	87130	137888	227555	295050	128424	84704
AT4G35800.1	NRPB1, RPB1, RNA_POL_II_LSRNA_POL_II_LS, RNA_POL_II_LS - RNA polymerase II large subunit	5.74E-03	7.31	38	82	9	1	1		86853	63204	9281	11411	11847	14773	1160	4196	9509	7547	3135	1455
AT1G22920.1	CSN5A, JAB1, AIH1 - COP9 signalosome 5A	5.80E-03	3.12	64	1	0	2	1	AT1G22920.2	30455	32000	36748	29492	28178	10247	3484	19777	3119	17315	3347	6441
AT1G55860.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	5.81E-03	2.25	188	18	6	3	2		91407	98778	52362	68935	69772	72083	29061	25022	47205	56009	10191	34200
AT4G24190.1	SHD, HSP90.7, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	5.91E-03	2.31	384	3	1	6	5		1912252	1704806	943611	679275	840588	755733	436672	423155	556909	884693	320144	341055
AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	5.92E-03	2.46	118	1	2	2	2		240618	287368	189922	140969	153054	76233	65396	43636	100798	126317	58084	48111
AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	5.93E-03	2.47	308	4	1	3	3		586701	662494	238155	253940	224745	248877	103342	139090	188887	237331	113294	113727

AT5G22640.1	emb1211 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	6.09E-03	2.06	26	2	5	1	1		28556	29880	38809	30087	50799	29037	25954	14877	12562	29154	7399	10836	
AT3G27530.1	GC6; MAG4 - golgin candidate 6	6.12E-03	2.30	234	3	5	3	3		1272956	1248181	651208	477799	602036	469960	279172	316563	426803	549640	246613	237192	
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	6.27E-03	3.23	112	0	1	3	3		878193	759019	141689	291949	385487	304434	120386	183605	153672	184513	120220	91670	
AT3G01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	6.46E-03	2.50	87	5	2	1	1		47485	64372	32724	39148	50572	23698	16613	21381	32168	15190	13032	4967	
AT1G44910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	6.50E-03	3.28	253	5	7	4	4		412399	532274	131816	138128	156538	137961	54415	43704	129324	128530	54197	49685	
AT1G30630.1	Coatomer epsilon subunit	6.67E-03	2.36	30	1	1	1	1		21107	35945	55056	38132	44377	24676	9990	5443	22593	23054	16190	15648	
AT1G53165.1	ATMAP4K ALPHA1 - Protein kinase superfamily protein	6.95E-03	2.48	54	5	2	1	1		85557	86267	59283	32983	35822	27811	12033	22085	27409	34413	15692	20496	
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	6.97E-03	2.33	200	6	5	3	1		44706	59124	49060	95987	101168	91425	34691	18473	56351	45262	13510	20957	
AT2G06530.1	VPS2.1 - SNF7 family protein	7.05E-03	2.12	39	0	1	1	1		33313	25583	14471	12641	18413	23044	10922	6798	16366	11627	4988	9467	
AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	7.35E-03	2.29	39	6	1	1	1		147954	127054	92580	46338	62551	86592	41788	27245	58955	57715	20480	39663	
AT1G29400.1	AML5, ML5 - MEI2-like protein 5	7.40E-03	6.44	66	10	2	2	2		52728	51355	7902	5978	7891	14598	2284	2271	5570	6693	3996	997	
AT4G37250.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	7.75E-03	8.17	23	10	3	1	1		106319	27143	15945	9451	16171	3975	1231	3571	8229	5045	1811	2030	
AT1G09070.1	SRC2, (AT)SRC2 - soybean gene regulated by cold-2	7.80E-03	4.38	28	0	0	1	1		9282	7816	1833	3737	4308	4449	957	1372	3014	1316	103	402	
AT2G46020.1	CHR2, ATBRM, BRM, CHA2 - transcription regulatory protein SNF2, putative	7.83E-03	2.62	36	18	6	1	1		6916	2464	1732	1857	3317	1886	1045	1546	1709	1220	786	618	
AT5G03690.1	Aldolase superfamily protein	7.87E-03	3.72	27	0	3	1	1		75753	220692	24087	105414	57528	64620	20636	10167	53606	23542	17808	21615	
AT1G71270.1	PDK, TTD8, ATYPS22 - kpsS2 / Sac2 family	8.06E-03	2.77	168	0	0	1	1		304732	403306	133845	124896	179666	121513	26829	77065	134356	107375	58851	53948	
AT3G52140.1	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	8.06E-03	3.22	50	2	2	1	1	AT3G52140.3	22084	19246	10153	15692	22455	5362	5251	7897	3161	8756	1161	3309	
AT1G26300.1	BSD domain-containing protein	8.09E-03	2.62	35	1	0	1	1		53313	45876	25605	29143	25742	10929	6466	15132	8901	17562	13312	11475	
AT3G01310.1	Phosphoglycerate mutase-like family protein	8.17E-03	2.93	45	2	5	1	1		20358	9080	9913	7265	6146	4175	1814	1228	6731	4439	3347	1897	
AT4G31700.1	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	8.28E-03	4.02	85	1	3	2	1		55995	42808	27911	11044	8900	10391	6932	5815	10449	6428	3031	6365	
AT3G19910.1	RING/U-box superfamily protein	8.35E-03	5.36	140	0	0	2	2		87267	116381	22467	19297	20001	12027	4114	5244	12064	18606	4428	7268	
AT1G65580.1	FRA3 - Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	8.43E-03	3.06	21	6	1	1	1		33867	30549	11308	8513	16059	13520	2487	2814	7368	12414	9194	2912	
AT5G07340.1	Calreticulin family protein	8.47E-03	2.69	244	2	0	5	1		23493	25767	8926	13069	9924	6423	3426	5342	8276	7917	2806	4791	
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	8.52E-03	2.40	150	1	0	3	3	AT1G64710.2	54472	60477	179408	102808	125274	68155	70966	45067	17995	39210	36526	36627	
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	8.52E-03	2.21	66	4	3	1	1		34373	51421	104058	75375	73370	38598	27071	34261	12819	26310	30893	39103	
AT3G00170.1	RPOC2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	8.63E-03	3.91	23	4	4	1	1		1821	1365	2845	3054	4336	3148	874	302	752	53	1490	767	
AT5G59450.1	GRAS family transcription factor	8.80E-03	12.01	22	7	2	1	1		1037	455	1256	1228	1436	38	221	101	8	4	88	32	
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	8.81E-03	2.33	50	0	0	1	1		72358	85935	112444	87183	66234	32658	13279	41568	33380	52322	35802	20008	
AT1G20950.1	Phosphofructokinase family protein	8.97E-03	3.23	21	3	1	1	1		12537	4585	14828	4868	15875	4287	2178	2201	3841	6415	2001	987	
AT5G45430.1	Protein kinase superfamily protein	8.98E-03	2.39	34	3	2	1	1		16290	12723	15292	14048	8357	9618	7738	7812	4583	4521	1168	6105	
AT5G52640.1	HSP81-1, ATHSP83, HSP81.1, HSP83, ATHSP90.1, AtHsp90-1, HSP90.1 - heat shock protein 90.1	9.30E-03	3.98	203	2	0	3	2		226045	197476	40094	38394	54601	63546	17665	24467	39635	39388	12384	22083	
AT3G14075.1	Mono-/di-acylglycerol lipase, N-terminal;Lipase, class 3	9.30E-03	4.67	43	1	2	1	1		176436	192940	34814	34498	37519	59506	20830	7518	26913	47651	6319	5418	
AT5G66270.1	ARM/Ran_BP2/IBN_N - RAB GTPase homolog A4A	9.34E-03	4.35	26	0	0	1	1	AT4G39990.1	2249	4780	1184	3119	2489	3840	0	0	2972	2001	0	0	
AT2G20960.1	pEARLI4 - Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	9.36E-03	2.50	362	12	20	12	12		1196525	1035118	464430	285219	482534	500170	256211	173116	373618	367075	245936	172738	
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	9.49E-03	2.84	737	0	2	11	10		8986303	8017236	3085157	2275336	2624316	2956505	1156270	1405447	2204482	2843310	869916	1352246	
AT1G17147.1	VQ motif-containing protein	9.51E-03	20.91	83	0	0	1	1		25297	14071	6666	6143	10066	14233	438	0	823	1544	0	369	
AT1G79940.1	ATERD2A - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	9.65E-03	2.95	36	2	0	1	1		10352	9746	13200	9482	16856	23096	5490	4850	4736	8426	653	3908	
AT2G41990.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	9.74E-03	2.87	84	16	3	2	2		83618	94607	27198	37189	24019	22945	23069	11939	12257	18642	12314	22639	
AT1G25490.1	TCH1, HIGA, ATB BETA BETA, EER1 - ARM repeat superfamily protein	1.00E-02	2.04	58	0	0	1	1		33243	29734	27533	51235	83827	41900	23077	13930	28702	35059	19985	15413	
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.01E-02	3.61	50	3	2	1	1		27236	26861	14506	6946	13726	5474	939	3090	5075	14021	1143	2009	
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	1.02E-02	3.25	164	0	0	4	4		2204971	1836862	649044	432358	736030	506298	323095	237380	552843	474755	198650	174861	
AT5G43440.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	1.03E-02	2.50	38	1	1	1	1		2780	3487	8373	3568	7198	2028	2128	1468	2443	1992	982	1980	
AT1G20620.1	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	1.03E-02	3.92	98	1	3	2	2		186156	198959	55123	50948	36166	45848	14013	18281	35060	60554	8327	9939	
AT3G08510.1	ATPLC1, PLC2 - phospholipase C 2	1.04E-02	2.51	105	2	3	1	1		591897	688752	234243	291917	314174	155117	145437	233780	183346	95969	115838	133507	
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	1.05E-02	2.47	111	0	2	2	2		135879	109839	58608	37494	35445	45559	29932	26381	26516	40454	28598	19483	
AT5G22480.1	ZPR1 zinc-finger domain protein	1.05E-02	3.57	22	1	1	1	1		556946	444359	186130	109695	173965	147954	35730	37354	153356	178427	32653	16605	
AT3G44110.1	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	1.07E-02	3.37	187	2	0	3	1		50966	80772	44120	27978	39320	18016	2392	1899	18325	40418	11210	3336	
AT3G24503.1	ALDH2C4, ALDH1A, REF1 - aldehyde dehydrogenase 2C4	1.07E-02	2.68	36	2	0	1	1		8064	11536	7857	17957	15420	6008	3811	1494	1970	1196	5735	10768	
AT5G01600.1	26S ubiquitin-like protein family	1.08E-02	27.81	47	0	0	1	1		46486	52154	6443	7498	7788	0	0	0	0	0	7422	4108	
AT5G63190.1	MA3 domain-containing protein	1.09E-02	3.62	91	4	0	1	1		76114	82932	18293	27080	35867	28219	1791	9705	25525	12155	13434	11561	
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	1.10E-02	3.01	326	16	4	6	4		1296711	1633127	651352	377870	652320	308138	163363	229296	338379	538654	196402	166170	
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	1.10E-02	2.50	366	0	1	5	5		916928	889531	335114	640995	393485	278081	223774	125891	341351	373055	112892	207380	
AT4G23630.1	BTI1, RTNLB1 - VIRB2-interacting protein 1	1.12E-02	2.19	41	2	0	1	1		419164	469780	448953	297494	288003	148715	73617	174269	177393	283868	118214	120624	
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	1.12E-02	2.03	47	7	8	1	1	AT3G59290.1	79773	110309	144969	91883	116531	53045	22539	43563	72687	82936	36062	35633	
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	1.13E-02	4.02	31	6	0	1	1		26769	17176	5553	2800	6290	7363	1696	2267	4518	4831	1335	1753	
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	1.14E-02	2.72	78	2	0	1	1		786673	799330	261530	323209	191318	261495	104847	130462	219549	261883	127601	121812	
AT3G03510.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	1.16E-02	Infinity	25	2	0	1	1		3980	5048	737	0	428	0	0	0	0	0	0	0	
AT1G36160.1	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	1.18E-02	3.92	24	5	9	2	2		1109234	1315280	398657	283954	413840	169485	54777	176889	143147	405894	88303	73067	
AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	1.19E-02	3.53	189	1	0	3	1		375189	364591	102562	79630	119136	71762	38238	33416	64886	116279	24943	37691	
AT3G45010.1	scpl48 - serine carboxypeptidase-like 48	1.20E-02	2.15	23	3	1	1	1		72587	119639	48721	41800	59835	40045	28674	15754	43333	45090	16106	29180	
AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	1.22E-02	10.99	24	8	3	1	1		3253	2493	466	193	233	0	0	0	0	214	0	0	
AT1G24460.1	unknown protein	1.24E-02	2.69	191	2	3	2	2		587408	639500	185211	172075	231636	205022	87072	77903	189514	211662	96385	88922	
AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	1.25E-02	3.55	252	6	5	3	3		723715	546283	194889	141611	137842	180621	83953	89479	141275	131876	26978	68135	
AT5G39570.1	unknown protein	1.32E-02	7.40	162	0	1	4	4		168400	161084	15011	16226	18187	25132	5122	6701	16226	15923	4976	5678	
AT4G20720.1	dentin sialophosphoprotein-related	1.35E-02	2.14	29	1	2	1	1	AT1G05090.1	42339	52293	36461	25486	28373	40612	24549	13281	16833	30509	4384	15629	
AT1G20970.1	unknown protein	1.36E-02	7.63	99	2	4	1	1		76969	69064	7126	8842	7786	11608	181	878	6832	12895	1092	1908	
AT3G06580.1	GAL1, GALK - Mevalonate/galactokinase family protein	1.37E-02	2.36	29	3	0	1	1		20857	34114	51410	53586	36371	17513	6055	8068	9216	40704	16391	10344	
AT5G17910.1	unknown protein	1.38E-02	3.37	185	13	3	3	3		609871	636275	162571	150400	166103	118076	51887	76082	111688	138847	100979	68247	
AT1G42440.1	unknown protein	1.38E-02	3.21	101	0	2	2	2		569634	569382	131244	130291	214221	147255	57973	71741	137668	174562	61579	46103	
AT1G21630.1	Calcium-binding EF hand family protein	1.38E-02	2.10	93	9	11	2	2		175593	174923	142915	104263	111298	50408	39073	39448	73612	94763	66974	47317	
AT2G22670.4	IAA8 - indoleacetic acid-induced protein 8	1.39E-02	2.70	24	4	1	1	1		189891	237086	196592	133861	148503	41927	43235	107206	54864	71641	49490	24519	
AT1G71810.1	Protein kinase superfamily protein	1.39E-02	2.75	24	3	2	1	1		156255	184120	106365	52692	40004	15989	41623	72160	46223	22206	24969		
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	1.39E-02	2.56	81	4	4	2	1		18279	14437	13075	23028	42378	15672	1999	6768	12666	18875	4501	4812	
AT4G05520.1	ATEHD2, EHD2 - EPS15 homology domain 2	1.42E-02	4.01	30	1	3	1	1		74301	97295	13475	18980	20463	40886	1677	1702	23481	33860	3058	2435	
AT1G21370.1	unknown protein	1.42E-02	2.01	28	0	1	1	1		78961	57845	54607	39793	30431	33528	28812	35590	28682	29140	11758	12531	
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	1.43E-02	4.64	91	0	2	2	2		84624	112912	18270	14870	18200	19344	3198	7742	17524	19670	4469	5162	
AT5G06460.1	RPN10, ATS11, ATMUD1, S5A - 19S non-ATPase subunit 8A	1.45E-02	2.06	33	0	0	1	1	AT5G05780.2	29814	47788	20480	16282	16709	14405	10481	8859	15435	16012	21306	14788	
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	1.45E-02	3.19	61	2	1	2	1		5266	8469	2403	1379	1295	3235	1095	838	882	1963	1283	854	
AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	1.45E-02	2.50	267	8	5	5	5		946965	983244	475160	283711	438236	274593	113502	215919	317927	392030	153526	165549	
AT5G38530.1	TSBtype2 - tryptophan synthase beta type 2	1.46E-02	2.68	28	4	4	1	1		66395	59624	25050	15856	18703	37539	7615	7838	28195	20678	9449	9353	
AT5G05520.1	Outer membrane OMP85 family protein	1.48E-02	3.17	79	2	2	2	1		31392	30848	15854	6902	15810	6736	7949	5394	5666	10008	1697	3204	
AT3G63180.1	ATTKL, TKL - TIC-like	1.48E-02	3.67	23	8	3	1	1		20513	35301	10762	12229	12651	3184	680	3597	2704	17697	678	423	
AT5G54050.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	1.54E-02	3.74	53	2	0	2	1		3737	6855	3455	16480	33305	17423	9941	893	7899	2279	4131	2358	5898
AT1G56340.1	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	1.54E-02	2.58	929	0	1	13	9	AT1G56340.2	19416483	22294366	9334590	6418209	8229787	5018234	3692686	3830241	5498466	8669852	2988612	2716159	
AT1G68720.1	TADA, ATTADA - tRNA arginine adenosine deaminase	1.55E-02	10.69	66	6	3	1	1		10187	8274	1621	1633	774	1441	0	351	651	1226	10	0	
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	1.55E-02	2.20	90	1	3	2	1	AT5G10360.2	100331	94499	37216	39907	28626	37228	28253	22718	29608	32707	19791	20280	
AT4G13750.1	NOV - Histidine kinase-, DNA gyrase B-, and HSP90-like ATPase family protein	1.55E-02	2.99	28	6	3	1	1		64519	108598	95378	135747	99632	52851	2803	50465	42623	58007	21318	11037	
AT3G48050.1	BAH domain ;TFIIS helical bundle-like domain	1.59E-02	3.13	21	14	5	1	1		36353	37391	13430	9304	9971	7596	4418	6556	9490	8884	4502	2539	
AT5G07120.1	SNX2b - sorting nexin 2B	1.59E-02	8.67	143	3	1	5	5		244210	180068	20009	10874	36899	26217	8343	6552	15443	25559	2261	1603	
AT3G79280.2	NUA - nuclear pore anchor	1.60E-02	3.30	73	10	3	2	2	AT1G79280.1	122195	102697	25747	29088	24950	29079	25073	22220	9304	8598	12728	23204	
AT1G23860.1	SRZ-21, SRZ21, RSZP21, RSZ21, At-RSZ21 - RS-containing zinc finger protein 21	1.60E-02	3.91	45	9	1	1	1		17384	39345	9623	3707	9340	5515	2336	4723	5657	3759	1545	3693	
AT1G29220.1	transcriptional regulator family protein	1.63E-02	3.47	72	0	2	1	1		89378	58775	18686	11922	16103	23763	10357	8546	14633	15738	7336	6337	
AT1G67730.1	YBR159, KCR1, ATKCR1 - beta-ketoacyl reductase 1	1.65E-02	2.02	23	1	1	1	1		560450	594515	300863	390157	385747	170544	142631	161071	165299	390341	145060	183129	
AT1G07660.1	Ribosomal protein L13 family protein	1.67E-02	2.36	90	0	0	1	1	AT5G56710.1	174923	214367	91433	77489	67509	59588	40644	34009	51838	77292	49102	44787	
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	1.67E-02	2.36	75	1	0	3	3		264279	249302	125365	130414	112595	74182	26555	86235	122759	86988	37670	44158	
AT1G48280.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1.67E-02	2.72	26	6	3	2	2		47515	43821	35442	13656	16361	15009	3964	3766	12701	21535	11817	9307	
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	1.69E-02	5.17	44	1	3	1	1		97142	120374	19092	15996	13357	16684	1283	3337	10351	30522	4310	4842	
AT5G60980.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	1.70E-02	2.82	44	5	1	1	1		23477	30336	9515	4886	13293	9319	2915	5577	7904	8624	3888	3269	
AT2G20900.1	DGK5, ATDGK5 - diacylglycerol kinase 5	1.71E-02	4.22	34	2	6	1	1		27780	23609	9221	1879	14722	15228	3646	2053	7832	3829	2203	2350	
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	1.71E-02	2.27	384	4	3	1	1		1828558	1931589	732743	545723	808115	669415	527151	451775	529232	719611	363681	282423	
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	1.72E-02	4.55	29	7	2	1	1		6675	4249	4603	712	2661	767	915	1392	269	232	465	1049	
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	1.72E-02	2.49	260	2	3	3	2		1147645	1881782	384391	534026	672230	562936	251971	230706	629809	476406	213893	279245	
AT2G20790.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	1.74E-02	3.27	111	3	2	2	2		211740	168124	45014	36091	56383	65505	17571	26540	59154	43176	21827	10074	
AT5G36290.1	ARM repeat superfamily protein	1.75E-02	3.37	25	0	0	1	1		15645	6961	4063	2224	4431	2776	2856	1730	3860	4048	1188	1021	
AT1G08450.2	CRT3, PSL1, EBS2, AtCRT3 - calreticulin 3	1.81E-02	2.54	75	0	1	2	2	AT1G08450.3;AT1G08450.1	79596	114938	65125	59029	61047	43644	3719	24084	35903	38035	23880	41237	
AT1G22300.1	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	1.82E-02	2.48	105	1	0	1	1		221673	225973	94754	46038	151419	152936	40834	36788	95446	99654	50095	37277	
AT5G13650.2	elongation factor family protein	1.82E-02	3.07	31	5	3	1	1		205095	301845	74820	59593	92639	55088	29412	65464	44104	73003	28324	16771	
AT5G40450.1	unknown protein	1.85E-02	2.84	1097	14	8	18	17		8181287	9217077	2794513	2407355	3108977	1934508	918596	913715	2594918	3245206	1111497	941539	
AT4G29520.1	unknown protein	1.86E-02	3.91	79	1	1	2	2		186450	204701	55084	44145	53913	21103	9963	12205	26048	65216	15000	16128	
AT5G11670.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	1.87E-02	2.66	63	2	3	2	2	AT5G25880.1	14211	8983	29923	42385	37773	46524	11363	7260	11452	6533	19435	11650	
AT4G10750.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	1.88E-02	3.55	57	5	1	1	1		28706	29579	7072	8059	7581	4338	2725	2397	6195	8599	1558	2571	

AT2G32260.1	ATCCT1, CCT1 - phosphorylcholine cytidylyltransferase	1.88E-02	2.95	58	1	0	1	1		18712	29474	16180	13857	15489	6021	654	7316	7289	13254	2677	2601
AT2G31370.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	1.89E-02	3.01	204	2	0	4	4	AT1G43700.1	552525	472385	211426	180199	172801	82764	34152	96889	124686	157264	68724	74563
AT4G36730.1	GBF1 - G-box binding factor 1	1.90E-02	2.52	325	3	3	5	4	AT4G36730.2	404168	384656	145100	109067	119370	123658	58158	67587	122378	144953	57727	59030
ATCG00340.1	PSA8 - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	1.90E-02	2.91	21	0	2	1	1		2469	6043	10435	6060	15733	10817	718	3493	1986	6484	2833	2194
AT3G16940.1	calmodulin binding;transcription regulators	1.93E-02	4.77	21	5	0	1	1		1249	572	5722	9227	2496	1790	379	2056	914	368	272	427
AT1G66410.1	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	1.93E-02	2.57	166	0	0	4	4	AT2G27030.1	3359015	3726078	1082015	1033889	1387133	960879	466300	647224	1155913	1237476	478656	514399
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.95E-02	5.19	23	22	9	1	1		12058	11975	219	725	1599	821	0	0	1861	3417	0	0
AT3G55020.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	1.98E-02	2.72	29	3	1	1	1		146725	187898	89841	54289	90544	27979	45187	29321	32542	63528	26180	23049
AT1G54940.1	unknown protein	2.00E-02	2.43	105	0	0	2	2	AT1G42480.2	174386	163478	84086	59834	93430	52426	24209	34200	49613	54446	26308	19748
AT1G08190.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	2.01E-02	2.50	105	2	0	2	2		171579	183944	61059	50549	95903	51649	23061	37884	55100	80777	28908	19720
AT5G37640.1	UBQ9 - ubiquitin 9	2.04E-02	2.19	98	0	0	2	1	AT3G62250.1	157701	165851	64321	69509	49520	66687	30588	45206	53022	77998	24381	31144
AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	2.06E-02	2.09	78	0	2	1	1		200831	176456	79884	64817	70392	100593	37095	46339	86424	81885	32727	47619
AT3G25690.3	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2.06E-02	2.46	202	6	3	3	3		478979	468323	189920	136472	173540	113364	90292	83321	126055	172269	74767	87077
AT1G34460.1	CYCB1;5, CYC3 - CYCLIN B1;5	2.09E-02	2.10	20	1	0	1	1		194022	420181	140823	127689	160960	98361	71161	96032	103491	144858	64614	64563
AT2G38280.1	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	2.10E-02	3.56	146	5	4	2	2		288106	244756	53572	41460	72837	80484	11628	20019	69257	64832	29047	24711
AT1G54060.1	ASIL1 - 6B-interacting protein 1-like 1	2.12E-02	2.11	107	5	1	2	1		154552	181775	92821	66470	88034	70390	22085	56248	71529	105001	28104	26425
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	2.13E-02	2.82	138	4	5	2	1		298984	381278	146969	102673	133628	56417	32635	71596	73597	118220	46843	53705
AT5G62790.2	DXR - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	2.13E-02	4.12	31	2	0	1	1		653779	639799	167056	91125	208075	79146	39022	67479	105527	168478	33570	32423
AT3G48500.1	PDE312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.13E-02	3.09	257	2	1	3	3		615353	674687	230849	221869	190382	100026	43299	108878	148903	234213	63965	57897
AT3G11820.1	SYP121, AT-SYR1, ATSYP121, SYR1, ATSYR1, PEN1 - syntaxin of plants 121	2.14E-02	2.14	25	1	1	1	1	AT3G11820.2	11027	5758	7276	2331	6497	4491	2650	1820	2168	2479	5888	2475
AT2G17550.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	2.21E-02	2.77	22	0	0	1	1		969870	1042740	87760	1506435	1214181	1171896	615100	867412	1020362	1248628	671054	641079
AT2G17550.1	unknown protein; Has 264 Blast hits to 258 proteins in 65 species: Archae - 5; Bacteria - 5; Metazoa - 66; Fungi	2.22E-02	2.12	26	4	7	1	1		156768	193125	54434	79469	72548	125174	24270	47425	42451	71704	89056	45842
AT4G38960.3	B-box type zinc finger family protein	2.24E-02	7.12	22	0	0	1	1		114281	96114	5869	13417	18683	10305	2548	5787	4541	6631	10852	5967
AT5G48205.1	zinc ion binding	2.27E-02	2.81	23	0	1	1	1		325508	376337	51109	236575	230349	141397	44018	100018	164848	42798	67464	64448
AT5G47480.1	RGPR-related	2.27E-02	3.08	221	14	5	3	3		231830	249290	63170	51334	54333	89808	23895	21209	89201	61300	12703	32206
AT5G56030.1	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	2.30E-02	2.83	189	2	0	2	1	AT5G56010.1;ATSG56000.1	527642	602705	245807	189162	217671	93122	144802	103446	126199	186164	51486	49772
AT1G75370.2	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	2.31E-02	3.36	23	3	2	1	1		1459	1524	582	5319	3817	1465	1206	249	321	780	920	746
AT4G22320.1	unknown protein	2.32E-02	2.64	47	2	0	1	1		85436	82067	50720	27492	50804	21530	29277	15606	37488	23432	10552	4246
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	2.32E-02	3.79	341	7	2	5	5		502000	538137	70980	87529	118893	158302	26408	38086	128083	117227	43101	36833
AT1G33680.1	KH domain-containing protein	2.34E-02	3.35	209	1	6	3	3		832682	893769	163087	199410	223582	179895	73568	49340	246429	211539	84907	78816
AT4G37120.1	SMP2 - Pre-mRNA splicing Prp18-interacting factor	2.34E-02	3.46	46	1	0	1	1		28818	47007	22053	10771	8934	10543	592	4253	11768	10264	5316	4811
AT1G47850.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.38E-02	3.01	27	5	3	1	1	AT2G47850.2	17941	21001	3293	5097	7363	5169	8152	2101	2083	2932	3186	1408
AT1G03350.1	BSD domain-containing protein	2.40E-02	2.33	88	2	0	1	1		372865	461037	108723	136217	176640	164891	69184	85256	221492	106183	63518	65272
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	2.41E-02	7.23	159	7	4	1	1		140954	165563	38612	32770	34443	19582	9659	3670	18602	25144	2633	43
AT5G08540.1	unknown protein	2.41E-02	2.23	52	1	2	1	1		417342	432815	249705	137828	182983	123928	57203	99784	147693	216080	93298	78893
AT2G28390.1	SAND family protein	2.42E-02	2.76	73	6	2	1	1		41375	29535	12250	7197	9653	21411	3644	3360	5297	12950	13654	5012
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	2.43E-02	2.08	88	5	6	2	2		435886	310085	196936	102164	158915	215293	116656	103494	149037	157404	56956	99323
AT2G27710.1	60S acidic ribosomal protein family	2.43E-02	2.78	163	1	0	3	2	AT2G27720.1;AT2G27710.4	2170360	2031352	1084324	585978	554865	423530	253346	290774	709136	692480	268735	249751
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	2.43E-02	2.41	411	4	1	9	9		4917571	5705533	1918726	1414854	2017907	1565128	1161369	1086596	1581659	2043474	707636	697830
AT1G76400.1	Ribophorin I	2.44E-02	2.41	83	5	2	1	1		902	1331	1149	2168	3150	4262	1563	925	1050	657	475	712
AT4G10480.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	2.44E-02	6.15	55	1	0	1	1		17452	13711	3488	1052	2277	2775	1590	891	806	2038	106	1191
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	2.44E-02	2.42	742	0	1	10	5		9071260	9826185	4644177	2603090	4387482	2248653	1449999	1747600	3401627	3888282	1654754	1407062
AT2G28360.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.45E-02	3.52	89	9	0	2	2		78266	125054	19659	22772	22434	17705	8335	6570	19241	27453	10557	9053
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.50E-02	2.32	38	1	1	1	1		27711	19320	11790	9023	16798	6631	4169	2089	12145	10576	5584	4707
AT3G28710.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	2.51E-02	3.46	25	1	1	1	1		8775	6083	40990	43883	38301	34411	20616	9836	2690	4194	7371	5060
AT4G38130.1	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 - histone deacetylase 1	2.52E-02	6.08	24	0	2	1	1		346154	409131	24581	64989	42360	52059	12369	16675	43318	53961	12904	15202
ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	2.53E-02	2.23	36	2	0	1	1		9025	16846	11713	13660	29446	15267	10363	1498	10594	5997	9393	5152
AT2G39460.1	ATRPL23A, RPL23A, RPL23AA - ribosomal protein L23AA	2.60E-02	3.03	429	1	2	6	6		8089003	6174881	2180177	1611538	1299926	1933582	903333	981282	1660570	2091471	539604	838898
AT3G50500.1	SPK-2-2, SNRK2-2, SNRK2.2, SPK2D - SNF1-related protein kinase 2.2	2.60E-02	2.80	104	3	2	2	2	AT3G50500.2;ATSG66880.1	181644	103330	35587	33062	35324	43248	18559	24860	35736	38916	17188	19279
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	2.61E-02	2.46	193	8	2	5	4		383552	424928	150040	84676	134658	168260	42733	81274	123751	131143	86428	81393
AT3G07410.1	AtRABA5b, RABA5b - RAB GTPase homolog A5B	2.61E-02	2.27	37	0	0	1	1	AT2G43130.1;AT2G31680.1	153005	143195	46447	56320	75932	40891	29378	40500	48816	59445	18291	31197
AT5G15210.1	ATHB30, ZFHD3, HB30, ZHD8 - homeobox protein 30	2.63E-02	2.33	78	3	0	2	2		131586	141542	60868	42766	73623	38515	49181	32687	32894	63581	17889	13713
AT5G13280.1	AK-LYS1, AK1, AK - aspartate kinase 1	2.68E-02	2.01	40	3	1	1	1		3724	7790	5576	8628	10249	13798	4223	1854	8031	3864	2695	4142
AT5G44070.1	CAD1, ARAB, ATPCS1, PCS1 - phytochelatin synthase 1 (PCS1)	2.70E-02	2.39	24	3	0	1	1		9843	6757	12401	8485	10290	1999	4968	3778	1968	3420	2943	3742
ATCG00190.1	RPOB - RNA polymerase subunit beta	2.71E-02	3.06	22	3	3	1	1		1654	2847	12210	7473	9433	7458	4079	1742	1263	4585	1135	600
AT4G15790.1	unknown protein	2.78E-02	8.95	88	2	0	1	1		18644	13107	2385	2101	2319	5026	0	0	2160	1982	245	482
AT3G25680.1	unknown protein	2.79E-02	4.01	25	3	3	1	1		89294	97984	47269	31793	60887	22227	21733	10546	32391	16696	5501	288
AT1G47220.1	CYCA3;3 - Cyclin A3;3	2.79E-02	2.65	25	1	1	1	1		126688	101254	38951	90798	38351	22163	17153	33276	16943	54654	23812	14434
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	2.82E-02	3.27	431	3	5	8	7		5544453	4842343	1138639	1175899	1317444	804096	467788	551660	890988	1455651	513429	658290
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	2.83E-02	2.27	70	1	0	1	1		482394	507274	207863	205164	193097	118144	98872	118786	150090	247821	66243	74497
AT5G02500.1	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	2.84E-02	2.02	49	0	2	1	1		27985	36546	99984	74752	80922	47895	17282	56078	22082	21490	32641	32643
AT1G30470.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.84E-02	2.54	139	9	1	2	2		413223	422274	140579	121035	161122	96960	65010	71321	120666	193664	43946	39499
AT1G20450.2	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	2.85E-02	3.99	155	0	3	2	2	AT1G20450.1	961901	806340	287950	106829	184643	243376	91791	65230	159530	213296	12291	107765
AT5G54930.1	AT hook motif-containing protein	2.89E-02	3.72	21	2	0	1	1		51626	40511	10554	19804	17115	4585	2565	4137	9860	11067	9706	1385
AT1G58025.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	2.90E-02	6.02	45	4	1	1	1	AT1G58025.3	53044	51053	2086	7730	9338	3863	163	245	8925	10542	845	393
AT1G15940.1	Tudor/PWWP/MBT superfamily protein	2.92E-02	7.12	33	3	3	1	1		4066	6672	1571	1290	1519	1876	266	1146	554	322	0	97
AT4G04610.1	APR1, APR, PRH19, ATAPR1 - APS reductase 1	2.95E-02	2.06	82	2	0	3	2	AT4G21990.1	61110	72311	17888	67012	46819	44737	21128	12993	34617	13540	35355	32752
AT1G69030.1	BSD domain-containing protein	2.96E-02	2.43	33	1	0	1	1		42159	34723	31142	13086	26709	8091	6814	7530	15254	22936	5164	6483
AT5G13490.1	AAC2 - ADP/ATP carrier 2	2.97E-02	2.30	33	1	0	1	1		23049	19068	20578	13852	18004	5170	3293	5187	10368	19965	1990	2633
AT2G34310.1	unknown protein	2.98E-02	3.10	74	4	0	1	1		144670	182785	28777	41205	33991	41237	13956	19188	26457	56806	16952	19148
AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	3.04E-02	3.06	42	5	0	1	1		40378	57749	28679	66153	10385	12524	23885	16916	8268	6797	11558	3007
AT4G38600.1	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	3.11E-02	2.22	26	9	7	1	1		65977	45077	26168	11326	22876	25099	14021	10505	17417	21882	12415	12471
AT1G32790.1	CID11 - CTC-interacting domain 11	3.14E-02	5.18	45	3	1	1	1		46516	32815	6794	7008	6337	2497	663	8154	607	6102	1645	2511
AT2G22090.1	UBA1A - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.14E-02	2.72	45	1	1	1	1		15705	22104	7341	3325	4450	7436	2189	2196	5264	6050	3858	2609
AT5G51100.1	FSD2 - Fe superoxide dismutase 2	3.17E-02	2.12	63	2	2	1	1		49041	64818	23864	18635	29549	22767	6246	10125	23482	41248	9507	7894
AT1G04860.1	UBP2, ATUBP2 - ubiquitin-specific protease 2	3.19E-02	4.46	50	2	1	1	1		54848	40041	4477	7208	13425	21318	1417	299	9943	10580	8257	1220
AT5G53450.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.21E-02	2.01	71	0	0	2	2		74228	104142	24078	20208	16870	20468	10599	16799	11302	16700	10033	10514
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 - homologue of NAP57	3.23E-02	2.28	109	3	3	2	2		379797	503280	185195	126108	158508	114754	59800	113284	163259	125243	104116	78767
AT5G64160.1	unknown protein	3.23E-02	2.48	106	0	0	2	2		188257	223843	80109	46007	67790	67579	19213	30593	74315	100913	22636	24181
AT4G10930.1	unknown protein	3.29E-02	4.37	78	5	2	1	1		12359	15308	2726	1755	1886	2756	2014	2098	1789	1835	388	290
AT2G32680.1	AtRLP23, RLP23 - receptor like protein 23	3.31E-02	3.00	74	1	0	1	1		33588	33797	9301	6113	7865	7211	4185	3697	2911	8872	5015	7945
AT3G56860.1	UBA2A - UBP1-associated protein 2A	3.31E-02	4.78	29	0	3	1	1	AT2G41060.1	38102	37009	5318	6668	4563	3519	835	1010	4560	9242	3297	972
AT5G51195.1	unknown protein	3.40E-02	2.17	25	1	4	1	1		178959	307168	211799	258473	144387	72080	34011	98381	170624	154276	43633	40188
AT3G26400.1	EIF4B1 - eukaryotic translation initiation factor 4B1	3.40E-02	3.52	59	0	1	1	1		95516	100430	21234	18270	16982	17350	12775	4420	24605	24030	4881	5890
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	3.43E-02	2.65	94	4	1	2	2	AT5G27640.2	53083	55075	32273	22714	17532	8988	3902	8598	16584	24736	12510	5305
AT3G04930.2	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	3.48E-02	2.27	22	5	2	1	1	AT3G04930.1	8919	5939	3124	3202	2505	2411	1064	495	3568	5020	538	817
AT3G13530.1	MAPKKK7, MAP3KE1 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	3.49E-02	2.89	115	4	7	3	3		75496	52225	16542	12244	15550	19081	7989	9182	17939	18312	3525	9082
AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	3.56E-02	1.95	270	0	1	5	5		2616910	2680530	1153310	933408	1308365	863179	871878	573286	994934	1365000	537366	546840
AT5G02230.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	3.56E-02	2.32	66	1	1	1	1	AT5G15650.1	7378	9070	13213	31143	19367	4206	3728	10318	8804	8574	12510	
AT3G17850.1	Protein kinase superfamily protein	3.58E-02	3.90	105	14	5	1	1		20642	17998	3385	2855	6100	3402	4984	560	3199	4430	619	147
AT5G08590.1	ASK2, SNRK2-1, SNRK2.1, SRK2G - SNF1-related protein kinase 2.1	3.60E-02	2.11	111	1	2	2	2		304231	275593	104549	79331	136708	133674	68646	60623	120071	156517	38845	44640
AT5G10630.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	3.60E-02	2.50	80	4	1	2	1		42502	25026	7953	14437	9500	12969	3665	4832	12540	11992	2425	9525
AT4G38200.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	3.62E-02	9.22	23	12	1	1	1		247653	464215	9086	20221	19747	26825	8177	2860	0	73803	579	0
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	3.67E-02	2.18	30	1	1	1	1		8952	10585	32714	17237	32403	11904	3773	9880	11240	13830	7994	5507
AT1G79090.1	unknown protein	3.69E-02	2.19	119	5	0	2	1		43049	39544	26389	15581	17751	12684	3537	4072	15064	26279	10513	11396
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.72E-02	2.11	63	6	1	1	1		321212	307975	128188	78088	101711	171455	76610	70776	133064	111169	54529	79218
AT1G73460.1	Protein kinase superfamily protein	3.80E-02	2.26	102	3	0	1	1		87018	134515	26953	36162	52387	56006	25783	9616	54906	33095	24603	26036
AT2G29110.1	ATGLR2.8, GLR2.8 - glutamate receptor 2.8	3.83E-02	2.01	22	7	3	1	1		135594	237015	167978	220335	151452	74269	23336	101589	154752	138740	36348	35219
AT3G58620.1	TTL4 - tetratricopeptide-repeat thioredoxin-like 4	3.85E-02	2.22	22	8	2	1	1		1092819	1306686	560207	473827	406037	267807	199393	280288	370694	556900	282251	161126
AT1G06210.1	ENTH/VHS/GAT family protein	3.87E-02	2.25	26	1	0	1	1		213626	196569	120141	52790	53341	87662	52852	37303	91330	78693	28478	33662
AT3G18640.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	3.88E-02	5.84	104	3	1	2	2		39068	29642	3254	2789	4072	4448	2125	1288	3822	4383	508	2139
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	3.89E-02	3.83	83	0	1	1	1		369538	476763	61720	75126	71459	73326	3877	26890	126785	101861	18113	17032
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	3.92E-02	3.54	28	3	4	1	1		95829	117063	22247	12915	20513	21974	8984	7364	24205	20588	12820	8090
AT4G11380.1	Adaptin family protein	3.94E-02	2.05	69	2	3	2	1		8941	7550	11741	10215	18112	5802	1087	3331	10281	11762	1112	2874
AT5G07660.1	SMC6A - structural maintenance of chromosomes 6A	3.94E-02	2.62	24	1	2	1	1		79872	131706	47411	171054	53397	36262	30210	5069	52178	46228	23678	41207
AT1G14180.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	4.02E-02	55.84	58	2	2	1	1		12253	11816	362	517	332	0	189	264	0	0	0	0
AT3G25520.1	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	4.04E-02	2.26	174	0	1	2	2		6069847	7188488	3112315	2517304	2139818	1481901	2043217	1367496	2060409	2754817	829384	916433
AT3G10790.1	F-box associated ubiquitination effector family protein	4.04E-02	4.20	22	1	1	1	1		78331	162726	88177	108140	52108	6476	15422	36476	8831	17076	33310	6884
AT3G17490.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	4.05E-02	2.66	24	1	0	2	2		30337	34734	16513	9173	15360	4510	4283	3298	14583	10552	3973	4829
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone GrpE family protein	4.05E-02	3.00	100	1	1	2	2		297914	244008	100933	50793	60600	43108	27358	31372	62969	77075	35384	31243
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	4.06E-02	9.63	24	0	2	1	1		276517	310163	10571	37464	9223	29294	1412	9452	23595	26977	3208	5242

AT1G31440.1	SH3 domain-containing protein	4.08E-02	2.41	71	4	1	1	1		18572	19394	5021	6945	6317	11599	509	848	10139	11958	722	3975
AT3G01410.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	4.11E-02	3.02	21	3	1	1	1		174416	142929	22801	56125	31606	38208	15387	23875	43312	36465	15574	19737
AT3G54760.1	dentin sialophosphoprotein-related	4.12E-02	2.84	200	4	1	1	1		617983	840840	261360	118738	203934	159012	46492	81692	218583	305622	77161	46459
AT3G60830.1	ATARP7, ARP7 - actin-related protein 7	4.13E-02	2.45	29	1	1	1	1		10453	8976	6058	3983	5952	2175	409	317	5336	5459	2891	921
AT3G16970.1	Plant self-incompatibility protein S1 family	4.14E-02	2.20	25	0	1	1	1		25438	55318	95478	90762	88463	30747	10591	15767	34532	57597	34265	23079
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	4.14E-02	Infinity	30	2	0	1	1		9064	0	0	67	14	9	0	0	0	0	0	0
AT3G48440.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	4.16E-02	4.13	118	5	0	2	1		31485	24863	3946	3668	6972	10468	2287	4071	4475	6159	209	2492
AT3G02260.1	BIG, DOC1, TIR3, UMB1, ASA1, LPR1, CRM1 - auxin transport protein (BIG)	4.21E-02	3.06	96	15	9	2	1		34646	32908	5787	8182	5959	9085	2499	1539	12865	6959	5018	2639
AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	4.21E-02	2.68	44	4	5	1	1		25741	25292	5411	5642	6013	9709	4225	7331	5780	6229	1935	3479
AT1G09960.1	CTD binding protein-related	4.22E-02	2.22	34	0	0	1	1		503857	1008658	141160	160062	188123	121106	30713	101799	125172	187557	139132	110412
AT3G49240.1	emb1796 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	4.22E-02	2.26	50	1	0	1	1		191032	252795	102521	79065	96182	40647	40524	77304	43451	73033	64901	38347
AT3G23510.1	Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase	4.23E-02	2.04	26	1	3	1	1		29420	29125	86740	51986	109993	53525	15441	46435	29080	45286	22876	17892
AT5G60640.1	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	4.25E-02	2.19	71	3	2	1	1		2896703	3212310	1602120	838941	1208891	735135	723052	614403	1142196	1259471	547362	498361
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	4.25E-02	2.48	49	6	3	3	3		101361	124717	30345	22619	34804	49216	11654	10540	43806	64137	8413	8086
AT1G73660.1	protein tyrosine kinase family protein	4.29E-02	2.52	86	10	1	1	1		31852	26375	5430	12457	9229	6891	4036	3744	11424	7513	5310	4598
AT5G08680.1	ATP synthase alpha/beta family protein	4.32E-02	2.93	282	3	0	6	1		97360	115166	15169	47806	20751	36162	5260	12686	32850	41141	8488	13111
AT4G22150.1	PUX3 - plant UBX domain-containing protein 3	4.33E-02	5.46	115	1	0	1	1		46535	47008	5835	8149	7011	4650	2914	4738	3410	6822	158	3805
AT3G23900.2	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	4.36E-02	2.97	37	16	1	1	1		64450	43983	14605	7330	12658	15349	9202	5715	15882	11477	5140	5996
AT3G17880.1	HIP, ATTDX, ATHIP2, TDX - tetraticopeptide domain-containing thioredoxin	4.36E-02	2.19	118	2	0	1	1		874907	948803	326536	272548	413744	229276	156612	112614	348420	417597	184399	177901
AT3G15500.1	ATNAC3, ANAC055, NAC055, NAC3 - NAC domain containing protein 3	4.37E-02	65.40	63	1	0	1	1	AT4G27410.1;AT3G04070.1	15527	11455	0	546	1401	70	0	0	0	193	251	0
AT5G14540.1	Protein of unknown function (DUF1421)	4.39E-02	2.22	47	5	2	1	1		79291	75463	41796	31102	30401	14767	13173	11151	27379	37965	17313	15837
AT3G51250.1	Senescence/dehydration-associated protein-related	4.42E-02	4.25	59	4	0	1	1		23351	26754	2352	1478	1960	5446	97	206	8032	6107	0	0
AT2G34357.1	ARM repeat superfamily protein	4.42E-02	13.76	99	4	3	1	1		77382	72018	8607	433	4866	12372	27	635	7691	1314	714	2389
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	4.44E-02	2.04	30	0	2	1	1		104797	63478	27491	29198	27303	29058	19622	19619	21076	38517	21438	17681
AT1G56070.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	4.45E-02	2.20	58	0	0	1	1		153167	134591	71356	69750	67851	30428	14972	11408	71301	90958	25097	19963
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	4.49E-02	2.22	28	2	0	1	1		15145	14415	7741	4954	6816	4543	602	2406	8219	8654	2694	1554
AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	4.49E-02	3.98	21	2	2	1	1		51054	47636	4519	7258	10135	9887	3264	2450	9028	10037	5550	2463
AT1G22880.1	ATGH9B4, ATCEL5, CEL5 - cellulase 5	4.51E-02	2.02	22	5	2	1	1		36998	55836	28213	22038	22858	13456	18372	16458	12150	4251	19047	18722
AT2G31670.1	Stress responsive alpha-beta barrel domain protein	4.52E-02	2.03	24	3	1	1	1		27273	40926	9160	17508	42052	33287	13629	8243	17061	15640	18538	10920
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	4.52E-02	2.34	69	1	0	1	1		95848	78886	27872	27157	37488	18465	9308	13667	29390	32805	24659	12448
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	4.54E-02	3.23	109	12	0	1	1		72679	67879	5701	19800	30856	17085	5401	3549	6487	33310	10871	6636
AT4G21660.1	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	4.57E-02	2.10	143	0	2	2	2		206614	257018	112918	102855	83594	50673	69922	39740	77850	100734	59885	38514
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	4.57E-02	2.18	28	3	2	1	1		62628	41590	34088	10583	20695	28623	14598	11807	22459	23927	6302	11853
AT2G05230.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	4.58E-02	4.14	24	1	5	1	1		266460	297774	42611	34022	34757	37409	7110	10202	76913	63065	13082	1932
AT3G56430.1	unknown protein	4.60E-02	5.18	22	2	0	1	1		28007	25492	2248	3200	4296	1439	629	883	2908	7126	647	288
AT2G18990.1	TXND9 - thioredoxin domain-containing protein 9 homolog	4.60E-02	3.18	45	1	0	1	1	AT3G25580.1	8959	62137	9929	10404	9987	5020	1783	1611	11662	15233	1427	1781
AT4G29440.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	4.61E-02	3.57	54	15	5	1	1		63015	54899	10266	12226	9944	7265	2615	7040	8370	17456	4649	4078
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	4.61E-02	2.09	48	1	0	1	1		84743	67480	32439	23456	30600	39574	13738	18147	36163	41022	5224	18685
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	4.62E-02	3.01	54	0	0	1	1		479073	657952	182584	162147	106038	73591	31709	53144	154578	231291	47386	30084
AT1G06400.1	ARA2, ATRABA1A, ATRAB11E, ARA-2 - Ras-related small GTP-binding family protein	4.70E-02	2.20	44	0	0	1	1		116942	64713	31177	26732	27326	37590	8611	26920	45976	21604	13236	21981
AT4G12770.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	4.71E-02	4.42	230	6	1	4	1		888839	924161	159030	78150	153604	104832	86718	65989	108225	187063	37166	36681
AT5G47690.1	binding	4.82E-02	3.06	71	4	5	1	1		203496	193375	26688	46355	58204	37714	19757	16798	50125	60709	23500	13859
AT5G45510.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	4.84E-02	5.25	51	2	4	1	1		524	655	173	78	77	23788	0	0	282	0	4538	0
AT1G57890.1	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	4.87E-02	2.20	103	3	1	1	1		22563	24851	85129	84664	63272	28146	16674	11969	13274	42315	27839	28265
AT1G72370.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	4.89E-02	2.16	66	1	1	1	1		143656	184516	466414	373996	383735	97049	81075	298586	75996	86023	139751	82048
AT1G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	4.94E-02	2.86	29	4	3	1	1		226600	154263	68661	33232	44847	46785	33449	26231	44988	62575	6654	27010
AT4G33760.1	tRNA synthetase class II (D, K and N) family protein	4.95E-02	3.56	25	4	3	1	1		64654	97574	8520	12652	16867	19042	5139	6705	13116	22157	7751	6788
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	4.96E-02	4.05	54	3	0	1	1		109614	117465	12617	19685	11505	12448	4598	2961	20364	37559	1253	3305
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	4.98E-02	4.06	37	3	2	1	1		53315	64119	11032	21376	6528	5124	1439	6223	5944	16780	6470	2930

Tabelle B16-b

7-8h

										Normalized abundance											
										DD						KR					
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	SP-Motiv	TP-Motiv	Peptide count	Peptides used for quant	Additional accession	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
ATCG00800.1	SPFH/Band 7/PHB domain protein Tic Totally protein	1.58E-06	0.30	1278	2	0	16	15		1180547	1080995	1183139	1140284	1140284	1140284	1140284	1140284	1140284	1140284	1140284	1140284
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	2.33E-06	0.30	1278	2	0	16	15		742857	677984	1252280	1155168	908628	824669	3639303	3714804	2323465	3045297	2539472	3407603
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	7.52E-06	0.40	32	1	0	1	1		24683	19568	22617	26342	15725	16497	63193	56809	39482	47698	55416	50511
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	1.01E-05	0.38	331	0	1	6	6	AT1G56190.1	184676	162914	275440	203116	228029	258535	723936	570217	609928	407034	680293	492590
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	1.09E-05	0.41	139	1	0	2	2	ATSG66570.1	31608	26242	27666	21148	21883	28556	62521	57042	71132	81595	70075	43423
AT2G37770.2	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	1.39E-05	0.35	20	5	0	1	1		47099	38746	24135	52957	39118	46368	142630	107785	86061	112412	131822	135627
AT1G19740.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	2.34E-05	0.23	113	1	2	3	2		2503	1500	1576	3315	4150	4580	15675	13618	14241	10785	13766	9428
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	4.03E-05	0.44	316	3	1	6	5		92975	91755	119165	176209	143804	168109	326312	330935	262244	272056	296615	329804
AT1G04550.1	IAA12, BDL - AUX/IAA transcriptional regulator family protein	4.26E-05	0.35	25	1	0	1	1		19234	17393	16365	39056	33111	28867	66162	78047	67613	65256	92220	70443
AT4G04020.1	FIB - fibrillin	7.79E-05	0.40	451	2	2	7	7		390539	347157	583951	619887	532381	653853	1285292	1219518	1217614	846821	1653016	1518248
AT2G42750.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	7.96E-05	0.37	49	2	2	1	1		4652	3137	2619	5933	6016	4909	13651	8973	11323	11821	12091	16170
AT5G19140.1	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	9.79E-05	0.27	192	3	1	2	2	AT5G19140.2	14935	8907	32932	26034	13552	14679	82309	83821	43576	53982	75418	72397
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	1.14E-04	0.46	57	3	2	1	1		34596	25590	19059	36801	40469	29641	53903	74920	57386	65105	81206	72554
AT3G02090.1	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	1.15E-04	0.40	76	4	1	2	2		35942	30865	45416	54734	36420	34449	109415	136570	61428	73737	103786	104775
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	1.20E-04	0.32	573	4	4	8	8		110498	156439	260819	264482	224459	378223	764982	789073	634283	502192	902053	742050
AT4G02770.1	PSAD-1 - photosystem I subunit D-1	1.23E-04	0.31	58	3	2	1	1	AT1G03130.1	14209	21895	46499	28880	27384	39228	86623	134093	64168	84904	103390	94415
AT1G16880.1	unidylyltransferase-related	1.34E-04	0.47	48	0	1	1	1		44989	28596	36699	62243	39103	37019	98261	115551	67622	77979	90012	84805
AT1G53900.1	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	1.37E-04	0.39	96	1	1	3	3		27738	32722	38226	71629	33413	40608	121923	136288	73548	89361	113119	94398
AT4G23680.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	1.40E-04	0.49	66	1	0	1	1		29453	24326	16679	19134	18041	12985	36639	41395	38857	50490	41241	39285
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	1.85E-04	0.28	55	2	0	1	1		10150	14270	9686	22893	11278	23570	42287	51031	55009	28303	82902	64444
AT1G80650.1	RTL1 - RNAse THREE-like protein 1	1.87E-04	0.37	23	0	0	1	1		9242	11041	13577	18235	8995	9079	34274	30012	19055	23966	45713	35371
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	2.20E-04	0.40	1223	0	0	53	49	AT2G39730.2	43428914	43778748	83683283	70254201	58298123	61908588	156910234	142565924	94330874	103407891	164922871	145870210
AT2G36250.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	2.22E-04	0.47	465	5	3	6	5		384304	355276	476179	770679	381852	693153	1076028	1145174	977212	930747	1236102	1179934
AT5G58220.1	TTL - transthyretin-like protein	2.35E-04	0.31	134	3	1	1	1		7012	9108	4614	4344	5108	7859	28809	25303	12392	11567	26898	18109
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	2.71E-04	0.29	28	0	0	1	1		4142	1962	2673	3860	3005	4168	14523	19050	5329	8190	12182	9878
AT1G61520.1	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	2.76E-04	0.13	24	0	1	1	1		160	78	117	12	65	90	601	909	325	644	537	859
AT3G52200.1	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	2.87E-04	0.47	86	4	2	2	2	AT3G52200.1	68533	57093	71483	108703	46333	63750	131007	173600	114924	123031	195808	155827
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	3.09E-04	0.41	85	4	2	2	2		28461	20544	36878	45406	45124	42200	128966	87619	77965	59245	94909	79713
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	3.49E-04	0.34	70	5	0	2	2		4215	5098	6530	15601	9985	11569	29076	27492	19014	21937	30577	27164
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	3.60E-04	0.41	42	3	0	1	1		8315	9319	3773	4790	5757	3453	14111	16427	15206	10416	17372	13781
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	4.86E-04	0.32	1068	0	0	19	19		1330867	1395138	2995652	3698482	3783279	5359082	10778758	10798628	8387842	6983842	10725695	9516301
AT4G19530.1	disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	5.61E-04	0.26	29	0	3	1	1		33571	20615	7176	20674	11675	13274	48199	103819	32787	66536	96980	68804
AT5G16660.1	unknown protein	5.85E-04	0.32	31	0	0	1	1		5910	4070	12464	4092	5725	12439	27021	23781	13669	15417	29125	18024
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	6.00E-04	0.41	236	3	3	4	1		56853	42777	66464	137909	53493	95789	203379	217988	135687	157907	231467	164313
AT2G21330.1	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	6.13E-04	0.44	251	2	2	5	4	AT2G21330.2	115090	92324	154253	177875	238650	248691	415197	403976	319911	300674	505363	407353
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	6.15E-04	0.38	1177	2	0	20	17		3500148	3220566	4057380	5989669	6562343	6781499	16410059	14854791	10521595	6770198	17014538	13735000
ATCG00490.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylase	6.17E-04	0.45	231	2	2	3	3		201280	178165	143842	223540	227775	300545	375507	586382	314345	356066	646613	552350
AT3G47650.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	6.23E-04	0.37	97	2	0	1	1		15381	16246	22471	16392	21044	46625	39138	76491	74919	79771	42664	60863
AT5G14740.1	CA2, CA18, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	6.68E-04	0.46	87	2	0	3	1	AT5G14740.4	50134	37904	32049	69634	29370	36284	93925	96913	69099	97937	68660	133070
AT5G09660.1	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	6.77E-04	0.38	158	0	2	3	3		2097870	2133642	2251899	4769499	4167771	4536983	13455840	5990924	8895619	6020078	9174914	9318995
AT4G15560.1	CLA1, DET, CLA, DXS, DXPS2 - Deoxyxylulose-5-phosphate synthase	6.96E-04	0.42	209	2	2	3	3		29997	25782	41397	56472	58031	72395	150009	135818	101246	96046	128753	91249
AT2G37790.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	7.14E-04	#WERT!	20	3	1	1	1		0	0	0	0	0	0	901	269	148	0	635	1328
AT4G35090.1	CAT2 - catalase 2	7.21E-04	0.44	330	2	3	6	6	AT1G20630.1	815667	781385	1308907	1496716	1504289	1505149	3097249	1983030	2607118	1953785	3869768	3498135
AT1G06680.1	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	7.22E-04	0.49	48	2	1	1	1	AT1G06680.2	17851	13324	24352	33933	16744	28664	48782	48156	42452	34491	51415	50166
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	7.65E-04	0.43	397	6	1	8	8		148422	145212	389401	348118	389919	294462	734782	653992	587568	646668	708218	636473
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	8.66E-04	0.19	59	6	1	1	1		5088	4281	694	4942	1125	6197	15440	15099	12784	13685	31596	20740
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	8.68E-04	0.39	4218	2	0	58	55		16470947	16001218	35056631	42187060	31783188	39402584	92691524	85821294	55481056	50626117	95741541	83454397
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	9.15E-04	0.44	62	0	0	1	1		25050	36492	21511	59467	33851	31992	81365	97603	51087	59079	100058	83536
AT5G20990.1	B73, SIR4, CNX, CHL6, CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molybdenum cofactor biosynthesis er	1.06E-03	0.39	54	1	6	2	2		11823	13202	32630	18627	22222	33883	75003	56808	36214	40159	65168	67552
AT4G33010.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	1.08E-03	0.47	39	3	4	1	1		8122	8521	11948	6234	10353	5689	14175	10888	17800	23122	22882	20310
AT5G45260.1	RRS1, ATWRKY52, SLH1 - Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class)	1.09E-03	0.43	25	0	0	1	1		27117	26748	31534	54155	46469	54742	110719	88983	84687	50187	120725	105450
AT5G48880.1	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	1.11E-03	0.43	125	0	0	2	2		37129	35473	95274	50795	71707	61091	146095	109514	84683	158506	164128	160043
AT3G02520.1	GRF7, GF14 NU - general regulatory factor 7	1.11E-03	0.47	101	1	0	1	1	AT5G38480.2	11595	10253	18281	20584	14733	15039	30356	43189	17709	30184	38181	32527
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	1.18E-03	0.43	239	2	2	6	5		106044	79292	270630	175844	144229	121777	454550	416400	254692	263257	403430	309824
AT3G14067.1	Subtilase family protein	1.20E-03	0.35	20	11	2	1	1		4703	6866	7153	10441	12302	21753	20858	37954	29859	22570	24115	47066
AT2G23350.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	1.20E-03	0.29	31	3	2	1	1		598	1287	2212	4945	1174	839	8463	5257	4279	5715	5661	8896
AT4G38970.1	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	1.21E-03	0.42	313	2	2	5	3	AT4G38970.2	431359	398672	603032	1149877	761847	1213537	1658567	1849674	1511509	1475529	2521326	1753291
AT1G11720.2	SS3 - starch synthase 3	1.36E-03	0.48	64	1	0	1	1		20326	17203	15680	34648	12071	28820	40915	41083	48026	41267	62934	35644
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	1.39E-03	0.10	40	3	0	1	1		186	142	2362	2428	708	57	7693	13160	5567	3302	15282	12935
AT5G28500.1	unknown protein	1.40E-03	0.45	239	2	1	4	4		110872	153688	154159	288990	189819	319308	437601	375482	426974	316035	640609	530415
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	1.51E-03	0.47	96	4	0	2	1		7651	10320	14791	24679	14416	16504	32888	41266	22469	26282	35483	30352
AT3G58480.1	calmodulin-binding family protein	1.58E-03	0.26	22	6	1	1	1		26181	26720	59345	78424	173432	193621	367205	376626	197863	393132	411421	362923
AT4G18480.1	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHL1-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.65E-03	0.33	24	3	1	1	1		1842	865	4677	1872	3052	1739	8299	5627	6454	4107	11989	5964
AT5G49910.1	CPHSC70-2EAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat shock protein 70-2	1.72E-03	0.43	142	2	4	4	4	AT4G24280.1	24154	27969	34834	43234	27347	27589	64295	79224	36958	51000	121995	80362
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	1.74E-03	0.43	57	4	0	1	1		69752	129120	220316	267901	186060	276314	407595	447688	401043	394507	490356	502656
AT5G19220.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	1.88E-03	0.45	78	0	1	2	2		11912	9014	24691	32019	18287	18680	51216	49059	36636	44340	29059	46069
AT5G63570.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	1.90E-03	0.31	39	3	3	2	2		2363	3379	3816	4400	11968	18429	29549	20321	29695	18280	28464	17157
AT3G44310.1	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	1.92E-03	0.53	141	2	3	2	2	AT3G44320.1	196348	263815	416800	367840	308379	356862	801400	590063	503081	388184	716475	611298
AT5G03710.1	RIFI1O, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	1.96E-03	0.38	59	3	1	1	1		12884	3607	16651	6632	10853	6694	39449	19790	25067	23543	17987	24162
AT4G24620.1	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	2.11E-03	0.44	46	3	2	3	3		7010	5065	5858	6193	8122	14551	21490	20251	13869	9693	23435	16840
AT2G39020.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	2.29E-03	0.33	25	5	2	1	1		2746	2495	4508	12028	5427	6945	22722	19782	7546	15943	23123	14736
AT5G40770.1	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	2.31E-03	0.40	189	1	0	4	4	AT3G27280.1	16298	9568	45048	21679	19663	20874	65962	62298	36599	34845	76233	58963
AT5G35790.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	2.38E-03	0.48	153	2	3	2	2		22853	27828	60295	47865	40844	59841	98212	104868	65992	63406	104483	99101
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	2.43E-03	0.46	61	2	2	1	1		13452	18529	38567	23010	28493	44910	66212	78634	39775	60545	55263	59863
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.45E-03	0.00	24	3	0	1	1		0	0	2	0	0	0	2341	2362	1279	4492	0	22
AT3G53870.1	Ribosomal protein S3 family protein	2.51E-03	0.49	31	1	2	1	1		27564	27611	45540	58657	35697	45402	78749	84312	61450	49251	103593	111100
AT3G14415.1	Aldolase-type TIM barrel family protein	2.67E-03	0.43	465	0	2	7	1	AT3G14415.2	7842	6525	3478	7565	14212	11374	18749	12803	20332	21807	28658	16189
AT4G21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	2.70E-03	0.34	361	0	1	5	1		22038	22508	44041	108093	63470	111657	136232	190992	121940	171451	252074	229952
AT2G38230.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	2.94E-03	0.32	185	1	1	3	2		52259	47713	81705	164176	99000	184906	495741	276404	208721	145298	465055	394195
AT2G46510.1	ATAIB, AIB - ABA-inducible BHLH-type transcription factor	2.97E-03	0.35	26	2	2	1	1		7327	5832	2362	8415	5080	8415	12394	20464	6695	18759	17245	25261
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	3.04E-03	0.47	99	3	2	1	1		63842	78990	77440	130829	134956	243928	211669	302744	298407	212796	321929	212989
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	3.08E-03	0.42	52	5	2	2	2		135010	157490	322839	541932	280179	418406	929694	834017	470890	635551	653304	859688
AT1G23310.1	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	3.26E-03	0.37	67	2	0	1	1		3948	6272	12237	13266	12286	13993	46796	34283	19923	17428	30586	18675
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.27E-03	0.43	412	2	1	7	7		149388	131524	268564	291711	235181	289203	618774	545477	308810	302608	800963	621057
AT5G15450.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	3.27E-03	0.45	197	1	0	3	3		53599	61620	74410	165968	67946	92014	183241	163927	149523	112127	262301	263078
ATCG00340.1	NDH1 - NADH dehydrogenase subunit 4	3.46E-03	0.44	41	0	0	1	1		6234	4777	10671	13171	10774	11724	30156	24135	16105	17160	26865	26866
AT4G28780.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	3.55E-03	0.46	30	2	1	1	1		11896	11526	26675	26571	17309	31985	46546	66833	30599	33920	52644	41883
AT3G10670.1	ATNAP7, NAP7 - non-intrinsic ABC protein 7	3.72E-03	0.24	47	3	1	1	1		838	249	2248	595	2547	4738	9741	7818	7774	3418	11175	6849
AT3G26900.1	SKL1, ATSKL1 - shikimate kinase like 1	3.72E-03	0.39	54	2	0	1	1		8214	9829	13915	18403	28198	40429	57761	42684	51209	28356	73129	52809
AT1G51100.1	unknown protein	3.77E-03	0.30	49	0	1	1	1		542	755	1692	3222	3067	5935	10081	7618	8225	5116	11508	7568
AT5G59610.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	3.82E-03	0.36	21	3	2	1	1		2335	751	4035	1135	2376	683	5974	3328	8166	5093	3844	5421
AT5G09200.1	Ribosomal protein L10 family protein	4.03E-03	0.43	275	1	1	5	5	AT3G09200.2;AT3G11250.1	170819	182510	302239	530238	446932	781942	1066912	825010	984251	619616	1127436	1024159
AT3G49680.2	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	4.05E-03	0.49	23	4	2	1	1		98459	59147	133850	123767	136512	95440	179515	226735	137751	160964	325858	298745
AT5G46290.1	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	4.06E-03	0.45	276	3	0	4	3	AT5G46290.2;AT5G46290.3	24780	23373	56656	67306	58989	48721	97660	122010	80962	60832	120534	134136
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.10E-03	0.49	43	0	1	1	1		14963	4595	10479	14724	8072	4760	19904	23163	17774	16962	22051	17917
AT1G80380.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.13E-03	0.45	152	3	1	2	2	AT1G80380.1	152302	124086	232529	298746	337571	417315	802653	611469	450023	340899	662158	599577
ATCG00660.1	Mraz/MraW-DUF1285-like photosystem II reaction center PsbP family protein	4.19E-03	0.42	61	0	0	1	1		7426	5344	14421	21405	9092	10144	26920	16539	9778	12100	17180	7027
AT5G58070.1	ATTIL, TIL - temperature-induced lipocalin	4.25E-03	0.29	68	0	2	2	2		1477	882	2831	4294	8463	13149	20045	11864	21022	14016	23701	15050
AT5G23840.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein	4.30E-03	0.26	22	1	0	1	1		8730	12649	21232	56235	44939	81081	162608	147238	72735	64449	207615	198626
AT1G31330.1	PSAF - photosystem I subunit F	4.45E-03	0.43	35	0	3	1	1		3055	1426	6565	5824	3243	2416	10837	6819	9868	6023	11159	7156
AT5G52750.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	4.51E-03	0.38	24	0	0	1	1		13848	14998	19329	34105	48547	95979	116074	103993	99377	58942	133975	91113
AT5G26450.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	4.57E-03	0.40	79	0	0	2	2		8661	6664	14282	16086	10790	14340	20167	32647	12805	23948	46885	39366
AT5G60550.1	GRIK2, ATSNAK1 - geminivirus rep interacting kinase 2	4.58E-03	0.29	20	2	1	1	1		921	1528	2830	9870	5450	14612	13799	25948	16045	19428	21984	22991
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	4.60E-03	0.31	78	0	1	1	1		9234	5861	6454	4393	2614	3737	11327	19193	6500	11173	36306	19468
AT3G47520.1	MDH - malate dehydrogenase	4.65E-03	0.45	197	1	1	6	6		59786	75185	74744	199188	133177	163968	309977	216088	221886	153885	346411	336327
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	4.79E-03	0.42	854	1	0	12	12		12340403	11267785	26069490	34998672	29183383	34752930	82059425	56480197	43537987	32294124	76106028	63112548
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	4.80E-03	0.37	385	4	0	8	3		13862	11622	28356	48375	36746	46970	80769	113821	48388	48975	116492	99984

AT5G61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	4.85E-03	0.16	46	1	2	1	1		608	854	6259	6621	5513	8058	41024	35282	9785	8330	42572	35274
AT1G24851.1	unknown protein	4.99E-03	0.35	31	4	0	1	1		12814	24766	55444	61827	31515	22022	70449	53308	65786	90365	148944	167983
AT5G66190.1	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	5.07E-03	0.43	24	1	0	1	1		6181	5297	11023	20226	9770	10743	30101	24617	12686	17046	33515	29971
AT5G40870.1	ATUK/UPRT1, UK1, UK/UPRT1 - uridine kinase/uracil phosphoribosyltransferase 1	5.11E-03	0.40	76	2	1	1	1		7217	22969	26914	36960	24593	28997	76975	67317	42159	34932	80588	65113
AT2G42590.1	GRP9, GF14 MU - general regulatory factor 9	5.33E-03	0.47	93	0	0	3	3		73578	73325	134042	96595	103712	240965	343501	258103	282731	153272	339962	278085
AT4G21210.1	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	5.63E-03	0.33	323	0	1	5	1		3548	3175	32239	21394	12959	6568	43539	39982	23586	35874	54926	42487
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	5.65E-03	0.22	45	1	0	2	1		1212	1524	5387	9270	6980	7291	12563	30636	9544	11132	48743	31177
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	5.68E-03	0.36	157	3	2	2	2		11609	9950	43035	14384	17443	5052	55878	64084	29194	25597	39272	70746
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	5.86E-03	0.48	51	0	1	2	2		45254	34302	80081	48524	69622	40332	198187	126407	73399	70414	99164	96665
AT5G41670.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	5.92E-03	0.36	34	1	1	1	1		1122	1746	3162	3182	5465	4763	12267	9678	6015	3837	9752	12640
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	5.92E-03	0.42	149	1	2	2	2		19471	19782	48511	51024	66772	107883	152712	116267	102263	84951	136731	148562
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	5.94E-03	0.44	220	3	0	4	3		39596	63316	90905	162745	135691	123232	271819	231478	184972	128192	285531	281767
AT1G07920.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	6.63E-03	0.36	56	0	2	1	1		12600	5709	3161	1303	1868	3646	10143	19515	13043	18401	6662	11842
AT3G52060.1	ATBAG1, BAG1 - BCL-2-associated athanogene 1	6.65E-03	0.46	26	1	1	1	1		148902	215103	348337	477352	461576	384566	742864	577397	688527	404827	950165	1071106
AT1G67580.1	Protein kinase superfamily protein	6.71E-03	0.43	23	8	5	1	1		1470	1546	3817	2122	4808	6440	6436	6944	10820	4711	9449	8192
ATCG00065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	6.83E-03	0.42	29	1	1	1	1		6262	11820	34720	30245	34151	25859	57617	67073	63857	38338	50863	61778
AT1G10760.1	SEX1, SOP1, SOP, GWD1, GWD - Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	7.06E-03	0.24	32	7	3	1	1		461	347	1042	1458	3164	2802	8232	5944	3413	7268	1801	11486
AT1G22260.1	ZYP1a, ZYP1 - Myosin heavy chain-related protein	7.08E-03	0.21	25	1	3	1	1		4126	4732	8555	1036	1110	1919	34471	6342	22752	4155	14271	22045
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	7.21E-03	0.36	72	1	5	2	2		3642	1627	9159	3668	9478	1951	17235	12590	11934	6914	23836	10141
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	7.22E-03	0.42	500	1	2	8	5		721512	805971	1557202	2205669	2552219	2951721	4639797	3410617	4073242	2245357	6144375	5391943
AT5G58700.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	7.28E-03	0.24	89	0	0	2	2		4281	4980	14851	16273	24813	20214	44617	29814	34735	24283	43401	40824
ATCG00540.1	PETA - photosynthetic electron transfer A	7.33E-03	0.49	85	1	0	1	1		12196	8045	23189	31968	23317	24320	45117	53610	27957	32609	42537	50931
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.37E-03	0.33	272	2	0	3	3		8735	17894	40560	36133	78567	93550	143712	144265	92014	77694	235866	148742
AT5G54190.1	PORA - protochlorophyllide oxidoreductase A	7.38E-03	0.34	76	0	1	1	1	AT4G27440.1	5125	3234	11673	20671	13228	9706	29015	36158	13060	18526	45817	43999
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	7.42E-03	0.37	340	3	1	4	3		53689	63308	168587	250669	212431	313298	545972	558183	329771	243195	682211	547506
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	7.43E-03	0.43	369	1	3	6	2		63887	73135	222183	241852	145299	191293	455467	457785	206308	242345	410844	392681
AT1G10870.1	AGD4 - ARF-GAP domain 4	7.51E-03	0.48	20	3	1	1	1		153313	157261	174462	412462	188750	235655	408224	516623	244432	319854	736074	550121
AT5G53620.1	unknown protein	7.58E-03	0.39	48	3	3	2	2		4631	5647	12540	5054	6952	18519	42352	26227	17851	10636	16117	24675
AT4G32770.1	VTE1, ATSDX1 - tocopherol cyclase, chloroplast / vitamin E deficient 1 (VTE1) / sucrose export defective 1 (SXD1	7.93E-03	0.39	29	4	6	1	1		1896	1411	5538	4173	7792	10740	19526	8920	16056	11572	15004	10295
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	7.94E-03	0.39	66	0	2	1	1		8991	1468	7691	6734	11004	7689	29591	12467	19844	15379	14925	20424
AT5G17710.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	8.01E-03	0.39	20	0	2	1	1		2083	1902	2658	764	3231	3001	5613	3117	9565	6039	7231	3059
AT4G17090.1	CT-BMY, BAM3, BMY8 - chloroplast beta-amylase	8.09E-03	0.50	27	1	2	1	1		12952	15112	28516	59562	23025	23282	49184	48876	35802	51927	75327	66543
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	8.18E-03	0.34	39	3	1	1	1		3194	4088	6175	17462	16574	9021	31432	44612	12446	14674	25779	35030
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	8.21E-03	0.47	90	4	4	1	1		9389	6164	6635	3068	3739	3344	15477	10994	12899	6903	6867	15658
AT1G21660.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	8.27E-03	0.48	36	0	3	3	3		3945	4481	4383	3697	7368	18032	13225	14595	13428	10062	23240	13224
AT1G72220.1	RING/U-box superfamily protein	8.31E-03	0.48	21	4	2	1	1		9760	11133	14737	22511	11320	16757	35688	38527	11839	28912	34187	31883
AT1G52400.1	BGLU60, beta glucosidase 60	8.41E-03	0.44	94	0	0	1	1		21766	23704	107934	66355	79568	85469	234388	194548	104628	108529	103888	118888
AT5G67470.1	ATFH6, FH6 - formin homolog 6	8.64E-03	0.11	22	11	7	1	1		1006	920	593	1095	1584	1102	14688	5216	1964	852	20638	13888
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	8.68E-03	0.37	62	1	3	1	1		7903	6122	3574	1710	5295	6562	23604	21356	10418	10383	13609	5902
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	8.89E-03	0.28	145	2	2	2	2		1496	3828	10705	24200	20448	31431	51696	57012	42268	30063	84855	58071
AT3G07195.1	RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	8.90E-03	0.44	24	0	2	1	1		1429	2152	3940	4534	7820	10442	9735	11957	16641	10965	10948	9369
AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	8.91E-03	0.44	110	5	3	2	2		230015	199272	485579	556691	453848	937057	1111468	1025974	844670	574778	1661533	1290925
AT1G76450.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	9.00E-03	0.48	28	3	0	1	1		4068	3493	8031	5951	7022	5390	18090	9115	8964	5665	14824	14085
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	9.13E-03	0.43	106	7	6	2	2	AT5G04140.2	4278	4790	13143	16377	14575	18018	33466	26661	25442	14324	29659	29062
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	9.17E-03	0.23	75	2	0	1	1		3243	2257	1375	1308	2768	4475	5272	6985	4441	7762	37794	5181
AT2G27600.1	SKD1, VPS4, ATSKD1 - AAA-type ATPase family protein	9.19E-03	0.33	39	1	2	1	1		366	451	3503	2204	2093	613	6358	4402	3695	4274	2075	7537
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	9.36E-03	0.39	48	4	3	2	2		7584	7209	16113	22664	30507	43639	69017	65435	42922	24984	73269	55305
AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	9.36E-03	0.46	98	3	2	3	3	AT1G54220.1	98260	106323	214024	179853	170308	148779	437979	297388	168192	213462	590367	283361
AT1G67840.1	CSK - chloroplast sensor kinase	9.45E-03	0.38	64	4	2	1	1		1423	5345	7086	7760	5553	10342	14390	16907	15395	7318	23999	20334
AT3G52750.1	FTSZ2-2 - Tubulin/FtsZ family protein	9.48E-03	0.29	227	3	4	3	2		5747	4077	18438	15952	21244	44625	52660	44404	66883	34992	154033	31078
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	9.73E-03	0.31	28	3	2	1	1		271	632	1317	4173	1878	3650	4422	3080	7455	10595	6607	6401
AT2G37720.1	TBL15 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 15	9.92E-03	0.39	34	2	0	1	1		18604	13360	20096	38622	12063	14975	75512	46133	28129	18646	71656	63449
AT1G73110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.96E-03	0.46	173	0	0	6	5		107880	110702	259829	320426	312817	282792	626595	411345	373986	263890	670447	527068
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	9.97E-03	0.41	79	5	1	1	1		7568	8327	1227	7566	3509	4598	11856	16440	8958	9197	15114	17703
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	9.98E-03	0.48	31	1	0	1	1		3331	3269	8585	8915	8404	17318	13005	14943	21422	14529	23032	17784
AT5G25265.1	unknown protein	1.04E-02	0.09	24	1	0	1	1		48	149	222	251	398	1812	4990	1371	18605	796	547	6019
AT5G14320.1	Ribosomal protein S13/S18 family	1.04E-02	0.41	35	0	1	1	1		8617	3178	1523	5117	1205	2578	4298	11521	11096	7085	9132	11315
AT3G11830.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.05E-02	0.38	32	0	0	1	1	AT3G11830.2	5005	7172	9237	17192	8935	11382	39615	21612	9599	14633	42067	27207
AT5G23540.1	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.07E-02	0.42	29	3	0	1	1		1856	2744	4223	6206	6460	10714	14416	9576	12903	5947	17472	15582
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	1.08E-02	0.44	500	1	1	10	7	AT1G12900.2;AT1G12900.1	410818	437108	1343778	1000128	1144854	1661926	2824905	1988521	2238571	1295695	3526845	1610065
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	1.08E-02	0.45	43	1	2	1	1		2401	4708	7317	7393	7445	16284	11567	12088	25715	15194	22472	13958
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	1.09E-02	0.38	61	1	0	1	1		33313	35671	58812	161271	204120	371256	442317	332967	468324	230976	492828	313882
AT2G37540.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.09E-02	0.47	97	0	0	1	1		13336	17981	6156	18907	19321	34007	44048	32523	41155	20277	47088	48027
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	1.10E-02	0.46	58	3	1	2	2		178799	166331	290037	493017	489471	812123	1023575	759428	818383	488028	1293689	945375
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	1.13E-02	0.36	97	1	0	1	1		2101	576	1791	970	4334	6395	7921	13915	7428	3636	6009	6342
AT5G19350.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.16E-02	0.39	129	0	2	2	2		3675	2713	14088	5949	12899	16526	24235	15638	18909	15207	46210	24674
AT2G39800.1	PSCS1, ATPSCS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	1.16E-02	0.37	188	1	1	4	4	AT3G55610.1	18523	19735	89986	122993	93907	124984	215376	224230	149898	119718	307120	258719
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	1.16E-02	0.38	105	2	2	1	1		11738	2829	5631	4630	3718	8730	5236	11387	22734	23518	17134	18246
AT1G55490.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	1.17E-02	0.38	187	2	0	3	1	AT5G56500.1	12819	17538	15953	6082	16806	16885	34255	43490	17626	15957	71265	42275
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	1.17E-02	0.44	172	0	1	2	2		35875	32820	98242	94650	99567	192874	306379	253902	167472	113230	229028	199782
AT3G60750.1	Transketolase	1.19E-02	0.43	467	3	6	6	5		376366	472387	650520	1252238	1389728	2025679	2899895	2592353	1778619	1157440	3016254	2760783
AT4G33510.1	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	1.20E-02	0.41	68	2	0	1	1		79485	88809	262230	321670	346207	638104	848278	637596	584909	394087	1013906	802835
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	1.20E-02	0.48	25	1	0	1	1		20414	21405	31978	67334	30774	44191	61754	77162	34911	70455	116906	88927
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	1.21E-02	0.38	72	2	1	2	2		10619	17139	18184	68682	44080	64559	111967	102651	75809	39660	132795	120567
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	1.22E-02	0.39	55	2	1	2	2		4145	2682	5783	5617	18870	42559	40053	32474	22262	19805	52804	36024
AT2G30860.1	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	1.23E-02	0.47	69	1	0	1	1		24364	32400	54155	60767	61392	126399	170219	126125	98458	65879	173022	134191
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	1.24E-02	0.46	142	3	0	3	3		108783	83816	379642	203095	231286	143024	736841	499216	245199	275045	394569	373971
AT2G29630.1	PY, THIC - thiamiC	1.25E-02	0.46	181	1	2	3	3		39176	36378	73832	79662	127958	245032	206485	210147	229118	149685	325026	183840
AT4G10340.1	LHCB5 - light harvesting complex of photosystem II 5	1.26E-02	0.45	51	1	1	2	2		4151	5715	6793	9862	16443	17561	19957	39236	26362	16064	19989	12766
AT4G02620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	1.26E-02	0.42	178	0	0	3	3		15445	20640	75478	83083	94327	127619	181938	199661	142628	123415	190384	153676
AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	1.27E-02	0.39	225	0	3	5	5	AT4G38510.1	104582	87373	244208	562365	376206	724069	1131014	959821	620023	472124	1216868	1003013
AT1G18390.1	PSAH, photosystem I subunit H	1.29E-02	0.46	58	0	0	1	1		6804	6264	15134	16879	16795	16103	28749	19908	10496	10921	19655	16233
AT1G16710.1	HAC12 - histone acetyltransferase of the CBP family 12	1.29E-02	0.40	28	5	7	1	1		68557	101844	151115	118237	79595	99354	266792	403067	113397	103549	394350	257736
ATCG00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	1.32E-02	0.44	147	0	1	6	6		31080	23180	79340	90437	98218	115480	229294	111962	131612	104816	214774	201773
AT5G58005.1	Cytochrome c oxidase, subunit Vib family protein	1.33E-02	0.41	20	1	0	1	1		3064	1518	17883	8937	7605	4963	12754	19394	10604	16778	23280	25436
AT3G55110.1	ABC-2 type transporter family protein	1.34E-02	0.33	25	2	2	2	2		2446	2382	5394	1370	5496	3898	18219	12768	4770	3616	17152	7876
AT3G06850.1	BCE2, LTA1, DIN3 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	1.34E-02	0.41	112	4	1	2	2		5883	2516	17352	26351	12268	22825	34428	36348	30112	24879	45526	40560
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	1.35E-02	0.40	61	0	2	1	1		16670	6092	26820	26184	51335	72237	63469	51656	123421	109211	82025	68704
AT5G23010.1	MAM1, IMS3 - methylthioalkylmalate synthase 1	1.35E-02	0.44	23	2	2	1	1		17601	19698	5695	30917	27135	23815	59627	53216	25755	29232	68419	50693
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	1.37E-02	0.33	340	1	1	5	4	AT2G38210.1	48780	36914	116393	216717	98436	132446	426737	489268	122009	124049	453266	365476
AT1G09130.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	1.38E-02	0.40	211	4	1	3	3	AT1G09130.3	115322	104851	169444	188411	129885	230922	264781	395692	166999	248802	938419	357390
AT1G62180.1	APR2, APSR, PRH43, PRH, ATAPR2 - 5'-adenylylphosphosulfate reductase 2	1.38E-02	0.47	134	2	0	3	2		21499	20935	34517	44582	56547	81059	101156	65217	86057	46065	135849	122066
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.40E-02	0.36	94	3	0	1	1		3091	4215	17348	23701	17613	31149	53403	44091	31337	23010	67448	47191
AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.41E-02	0.33	175	14	7	4	1		2182	8915	9902	7544	8878	7203	7251	32306	26080	10350	39613	21388
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	1.42E-02	0.39	296	4	1	10	10		214419	219177	1112580	1066414	1342112	2792610	3221377	2864662	2979008	1783496	3952545	2635316
AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein	1.42E-02	0.48	32	1	0	1	1		8780	3743	10925	25682	9804	11833	23529	38862	14966	21214	27716	20719
AT1G49600.1	ATRBP47A, RBP47A - RNA-binding protein 47A	1.43E-02	0.38	52	1	4	1	1		1166	1451	7996	5023	6274	13429	11714	13827	13340	11231	27552	14523
AT4G35520.1	MLH3, ATMLH3 - MUTL protein homolog 3	1.43E-02	0.46	25	5	6	1	1		17187	17294	33306	57612	76670	116859	88031	119328	143545	85018	150632	107685
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	1.46E-02	0.46	47	1	0	1	1	AT3G11630.1	61007	63486	283928	185599	196512	168101	520811	390290	225309	211174	374837	355692
AT5G10350.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.48E-02	0.47	85	4	1	2	2	AT3G10350.2	18286	13807	42759	30785	33745	19086	90033	46422	23109	58190	57272	60319
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	1.49E-02	0.16	65	1	0	1	1		1156	1856	1996	457	1829	7055	9082	4160	16010	8723	47479	2188
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	1.49E-02	0.18	54	2	0	1	1		1227	645	2959	1564	2596	3771	4204	6626	3927	4853	44509	5156
AT3G52380.1	CP33, PDE322 - chloroplast RNA-binding protein 33	1.50E-02	0.44	86	2	1	1	1		57540	92942	104706	59104	315115	539484	347132	347890	651239	511559	544464	284350
AT1G62085.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	1.52E-02	0.50	23	1	1	1	1		2692	2059	2530	5350	5851	9567	12390	7628	8594	5526	12620	9377
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	1.54E-02	0.45	701	5	1	8	8		313747	251017	969832	902707	1283239	2363254	2514885	2397854	2349416	1494028	2566964	2053467
AT5G48830.1	polynucleotide adenylyltransferase family protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1.56E-02	0.30	24	2	4	1	1		585	458	3914	2865	2404	1102	9799	6129	4235	1590	5565	10898
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	1.58E-02	0.39	28	0	0	1	1		4717	3895	7423	8442	3903	2636	20966	20569	3944	10289	11163	12550
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGS1 - glutamine synthetase 2	1.60E-02	0.40	417	1	1	6	3		70023	66101	368781	325350	475638	903811	919684	885721	990498	620212	1127827	917146
AT2G34820.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	1.60E-02	0.29	20	1	2	1	1		878	289	1814	963	1606	1952	3086	9381	1386	1780	4808	5450
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.67E-02	0.48	252	3	3	2	1		28307	48752	43929	126729	61384	108472	178778	113156	115501	73756	202600	189717
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	1.67E-02	0.46	119	3	1	3	3		27340	15674	110895	44460	49955	19357	125426	91050	80214	50321	88854	145579

AT5G10470.1	KCA1, KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	1.70E-02	0.35	21	9	4	1	1		9639	8381	58861	64907	58534	49891	189729	147408	60486	62580	111442	142973
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	1.71E-02	0.47	34	3	1	1	1		13460	16584	34015	48889	33463	67595	71565	45539	87784	49724	123906	73750
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	1.71E-02	0.47	61	0	3	2	2		12354	10541	19131	44639	22194	39056	58653	61298	29885	28725	69715	65513
AT5G15090.1	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	1.71E-02	0.43	33	1	1	1	1		1607	7505	16596	13692	8399	15645	24843	20473	18250	25871	31414	25188
AT3G10920.1	MSD1, MSE13, ATMSD1 - manganese superoxide dismutase 1	1.72E-02	0.41	83	0	0	1	1	AT3G10920.2	11692	3397	5746	3664	12705	7605	18182	18670	8246	10537	28788	19763
AT5G67500.1	VDAC2, ATVDAC2 - voltage dependent anion channel 2	1.72E-02	0.35	122	1	0	2	2	AT5G67500.2	3064	1550	27281	8130	12333	741	34603	34433	30021	15552	13201	25699
AT1G02280.1	TOC33, ATTOC33, PPI1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 33	1.73E-02	0.23	21	2	1	1	1		0	0	0	391	484	2192	1566	3247	1515	2658	2758	1854
AT4G01690.1	PPOX, HEMG1, PPO1 - Flavin containing amine oxidoreductase family	1.73E-02	0.28	59	1	1	1	1		1809	1079	12198	5679	5193	7547	28908	21662	9139	5135	37675	17961
AT5G44316.1	Stabilizer of iron transporter SufD superfamily protein	1.74E-02	0.50	25	2	0	1	1		80014	118219	139858	123181	48347	97097	111433	278772	116508	185662	207713	321800
AT5G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	1.79E-02	0.34	160	2	0	2	2		3044	1436	2936	6027	6144	4446	6056	14356	5679	4566	22745	17424
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	1.80E-02	0.43	177	1	2	2	2		14225	8516	52984	46162	48837	42712	114626	81049	43796	63772	119966	77294
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	1.88E-02	0.47	27	1	0	1	1		18030	20965	35391	65738	121376	137620	148827	132517	148284	90767	182316	147527
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	1.91E-02	0.46	278	2	2	5	1		3331	3370	4082	18373	8396	10806	19893	11232	17275	9449	19286	27596
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	1.92E-02	0.45	409	1	3	7	7		119750	123197	319758	354626	760775	1305717	1256551	1262824	851290	708461	1563916	1030182
AT2G21385.4	unknown protein	1.92E-02	0.39	22	2	1	1	1		512	718	3535	6643	3565	3267	8452	5812	5829	8579	12879	5042
AT4G01930.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein	1.92E-02	0.44	20	1	0	1	1		20551	15589	31333	72504	59566	63804	98688	124018	79507	45721	168921	79042
AT2G34620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	1.96E-02	0.34	41	1	0	1	1		874	868	8398	7656	7358	9455	26165	14550	10739	8782	20363	20332
AT3G17170.1	RFC3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.97E-02	0.48	50	0	0	1	1		24823	32415	11103	26575	24736	53808	52218	39323	116514	60690	57772	34581
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.97E-02	0.46	105	1	1	1	1		37265	34211	110958	76015	80589	107319	193734	146027	148954	83998	296049	96225
AT3G23400.1	FIB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.99E-02	0.40	22	3	1	1	1		15807	4837	7597	9987	5554	10325	24885	30399	6569	13486	33431	26208
AT5G12930.1	Lsg1p-related protein	1.99E-02	0.46	50	2	0	1	1		5916	3308	15912	16472	21281	43644	38846	40686	43897	25442	46315	36833
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.04E-02	0.41	104	5	1	2	2		2533	6345	16245	13068	36475	72889	59111	67526	54473	39566	89379	48244
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	2.06E-02	0.38	116	2	0	4	4		12998	14136	83107	84565	141578	178802	264284	226503	176436	120193	336365	246274
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	2.14E-02	0.47	59	3	1	1	1		14070	13802	39234	52374	55015	92671	113619	78127	88013	53311	141832	98115
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.15E-02	0.31	29	1	0	1	1		3280	1882	28889	11646	88543	95191	162602	125654	90555	46351	223128	99331
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	2.15E-02	0.42	87	0	1	1	1		12961	9846	31741	87714	46106	56397	123048	75398	89204	44265	147314	99690
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.18E-02	0.44	109	3	2	1	1		26426	21146	9571	19212	2602	5129	33067	47229	31920	34477	22639	20996
AT3G53460.4	CP29 - chloroplast RNA-binding protein 29	2.18E-02	0.28	97	2	0	2	2		171	200	1060	21	2230	5640	4502	4703	3175	2166	9294	8881
AT4G23460.1	Adaptin family protein	2.19E-02	0.14	26	2	4	1	1		0	0	0	3378	5727	2894	12359	25336	7059	10291	2603	26685
AT3G10860.1	Cytochrome b-c1 complex, subunit 8 protein	2.21E-02	0.42	38	1	1	1	1		3030	2459	13336	6917	9295	2260	10011	9447	14201	8875	31581	13868
AT2G38060.1	PHT4;2 - phosphate transporter 4;2	2.22E-02	0.30	22	4	2	1	1		2705	240	558	2669	1362	2160	7266	4237	6719	9839	1441	2926
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	2.24E-02	0.40	21	1	4	1	1		3230	8344	22012	42144	27872	42582	47611	53320	57713	34897	77174	99091
AT3G15690.1	Single hybrid motif superfamily protein	2.24E-02	0.45	78	2	1	1	1		23180	23028	23059	34213	28357	62089	80219	21680	88302	53964	93019	91902
AT1G32220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.30E-02	0.48	136	1	0	4	4		110130	162285	540851	708646	654090	638558	1058865	1068427	872240	598933	1192450	1121439
AT5G60540.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	2.31E-02	0.46	70	0	0	1	1		13454	10581	77282	53132	28945	29286	57969	121018	46302	51594	82471	99679
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	2.38E-02	0.40	30	3	0	1	1		290	741	1663	2087	2392	422	3989	4192	1849	1868	1824	5167
AT5G38344.1	Toll-Interleukin-Resistance (TIR) domain family protein	2.39E-02	0.45	53	0	1	2	1		12085	13418	66893	39089	22743	51486	109408	58169	69405	51896	123903	40336
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.39E-02	0.49	228	2	2	5	3		43432	41984	116258	145678	219850	336782	375282	320697	304569	207812	402305	239421
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	2.43E-02	0.48	40	2	0	1	1		17235	26371	49262	76148	100202	139117	107175	106427	207524	98599	193264	145394
AT2G33210.1	HSP60-2 - heat shock protein 60-2	2.44E-02	0.46	21	2	1	1	1		513	250	1406	799	846	1511	2545	1503	1414	912	2463	2676
AT4G20360.1	ATRABB0, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	2.48E-02	0.46	382	3	1	8	8		585247	645616	2093445	2539704	5049833	9217295	8573283	6796614	7315428	4948556	8838721	6850855
AT3G27690.1	LHCB2.4, LHCB2.3, LHCB2 - photosystem II light harvesting complex gene 2.3	2.50E-02	0.48	35	0	2	1	1		24410	12659	45947	45524	26983	48371	128276	42058	47638	45937	90643	66165
AT1G02530.1	PGP12 - P-glycoprotein 12	2.50E-02	0.40	23	2	0	1	1		412757	445027	2062079	2258990	4316730	5531216	6729253	3020271	8504340	5095646	8243831	5531445
AT2G20140.1	AAA-type ATPase family protein	2.60E-02	0.48	26	1	2	1	1		5850	3571	7072	26938	6393	24220	25973	23096	20139	13674	41693	29167
AT4G34090.1	unknown protein	2.65E-02	0.45	69	2	1	1	1		8603	11297	22624	69183	38270	67695	102004	62013	64096	41504	110340	101896
AT2G17270.1	PHT3;3 - phosphate transporter 3;3	2.67E-02	0.33	28	1	1	1	1		2656	1563	9581	16185	14504	26724	56706	15692	28828	14017	63768	38227
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	2.71E-02	0.48	22	1	0	1	1		2449	1483	1474	5647	2992	12877	5019	6831	8404	7743	14450	13148
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	2.75E-02	0.35	249	1	0	4	1		3183	2245	11066	16200	23118	55176	64488	13827	89550	46063	66396	40562
AT3G04550.1	unknown protein	2.81E-02	0.45	156	2	1	2	1		4258	9369	5015	29962	28171	48953	40711	45397	50627	25452	74385	42237
AT5G49020.1	ATPRMT4A, PRMT4A - protein arginine methyltransferase 4A	2.83E-02	0.01	50	3	1	1	1	AT5G49020.2	0	0	0	103	0	1	190	104	0	44	14909	44
AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.83E-02	0.30	228	2	0	5	3		1872	1851	7756	6996	4491	15326	25107	27964	7156	4649	35337	28311
AT5G42270.1	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	2.84E-02	0.28	21	2	2	1	1		0	0	557	0	89	565	1084	1427	504	131	655	517
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.89E-02	0.49	112	3	2	2	2		291385	242162	1178701	857635	726300	875570	2148291	1394809	1328895	853953	2005270	808119
AT3G00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	2.91E-02	0.26	23	0	2	1	1		48	18	2189	97	2023	149	2529	557	2340	920	9290	1806
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	2.94E-02	0.10	37	1	1	1	1		616	427	2099	3503	1127	2979	4703	6526	2235	3397	86859	5169
AT1G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	2.95E-02	0.46	20	2	1	1	1		1747	991	3033	2703	14729	29958	32882	18430	21778	13587	21103	8983
AT3G11910.1	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	2.95E-02	0.44	36	2	2	1	1		3330	3445	14617	22565	12116	32552	39162	27579	26747	16344	55506	36796
AT1G47990.1	ATGA2OX4, GA2OX4 - gibberellin 2-oxidase 4	2.96E-02	0.40	22	1	0	1	1		11027	8983	45989	36641	47475	64803	111603	103627	66019	27320	113766	112745
AT1G09020.1	SNF4, ATSNF4 - homolog of yeast sucrose nonfermenting 4	2.97E-02	0.07	37	3	2	1	1		388	396	208	404	241	38	1620	708	724	575	20358	440
AT5G02160.1	unknown protein	2.97E-02	0.49	36	2	0	1	1		975	2907	1118	4047	3542	4715	9504	7461	3143	4598	4892	5484
AT4G36390.1	Methylthiotransferase	3.01E-02	0.45	22	2	1	1	1		4109	3171	5240	1180	1774	535	7570	6653	4432	5443	2692	8909
AT1G08490.1	ATSUFS, SUFS, ATCPNIFS, ATNFS2, CPNIFS - chloroplastic NIFS-like cysteine desulfurase	3.03E-02	0.34	28	1	1	1	1		1203	461	5152	3140	3553	1651	5973	4889	4942	2616	19353	6287
AT5G55132.1	Defensin-like (DEFL) family protein	3.11E-02	0.44	25	2	0	1	1		1374	1738	10380	6447	13270	35081	37797	33326	23968	16114	30107	14967
AT4G25100.1	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	3.11E-02	0.44	76	0	1	1	1		2529	1194	17054	8002	46332	98601	63204	49138	86317	64163	88238	45237
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	3.12E-02	0.37	93	5	2	3	3		38124	44988	212789	300157	197953	234361	687276	446398	271002	138096	625404	604297
AT1G19350.1	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	3.13E-02	0.36	75	8	2	1	1	AT1G19350.3	3079	3121	792	884	1754	302	3526	2191	10606	5760	3213	2020
AT5G47860.1	Protein of unknown function (DUF1350)	3.13E-02	0.44	28	4	2	1	1		5254	6159	15675	22070	20114	45429	57462	19052	46101	22742	55507	58261
AT1G01790.1	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	3.13E-02	0.44	35	6	2	1	1		1582	2709	6023	16461	11323	23343	24581	35612	11451	19547	28403	19735
AT1G11650.2	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.19E-02	0.42	105	2	1	3	1	AT1G11650.1	6791	4185	3235	30781	9366	13188	53948	24400	16289	30165	9679	25399
AT5G11060.1	KNAT4 - KNOTTED1-like homeobox gene 4	3.19E-02	0.02	26	2	1	1	1	AT5G25220.1	5	29	141	36	31	6	94	65	298	279	12377	48
AT1G14030.1	Rubisco methyltransferase family protein	3.20E-02	0.39	134	1	0	2	2		4026	5099	22632	48409	53816	84329	120639	100886	70537	38317	127976	97430
AT5G15200.1	Ribosomal protein S4	3.20E-02	0.34	97	2	0	2	1	AT5G39850.1	3406	1385	17067	13834	22382	38711	39441	20220	9997	65272	33298	
AT5G48990.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	3.21E-02	0.43	21	6	0	1	1		20598	20510	42488	160218	165852	263252	345529	388619	151855	143318	305707	225692
AT3G01500.2	CA1 - carbonic anhydrase 1	3.22E-02	0.59	488	2	0	8	6	AT3G01500.1	732761	806747	1093611	2320336	1435828	1520746	2152726	2746915	1448681	1359244	3165785	2629117
AT5G17920.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	3.24E-02	0.45	24	2	0	1	1		4013	2198	6708	12626	13875	23450	23161	22895	20823	10465	42229	19680
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	3.26E-02	0.47	81	4	1	2	1		4116	1998	19930	14919	15652	8539	39285	21725	15357	24663	17915	18844
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	3.27E-02	0.42	152	4	0	2	1		21816	18671	38927	68393	73898	98433	158660	44185	128651	65284	184737	179338
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	3.27E-02	0.36	42	4	3	1	1		1121	1293	9593	8754	7980	8325	31824	26327	6679	14997	10145	12095
AT5G59305.1	unknown protein	3.34E-02	0.28	26	0	0	1	1		588	883	7968	7345	4887	5525	15296	33767	5215	4092	20657	17985
AT3G23310.1	AGC (cAMP-dependent, cGMP-dependent and protein kinase C) kinase family protein	3.34E-02	0.27	24	1	2	1	1		1483	1410	15206	2471	11067	9653	72611	17216	12452	4619	23411	24505
AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	3.35E-02	0.10	50	3	1	1	1		40	228	596	230	406	43	576	444	472	615	12077	717
AT1G73750.1	Uncharacterised conserved protein UCP031088, alpha/beta hydrolase	3.36E-02	0.49	50	4	0	1	1		5685	6342	20920	27176	19402	26172	51671	31114	25200	18455	48802	38561
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	3.44E-02	0.27	33	2	0	1	1		7695	8592	16501	35864	29965	51105	111558	81487	27134	16267	161523	147082
AT3G11900.1	ANT1 - aromatic and neutral transporter 1	3.50E-02	0.45	21	2	0	1	1		4688	5482	24082	27101	42763	65225	67949	60811	48496	33651	96750	64744
AT1G74040.1	IMS1, MAML-3, IPMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	3.56E-02	0.28	183	7	2	4	1		522	2004	4795	9617	6012	8017	17313	24888	4923	4940	30883	28406
AT1G60070.1	Adaptor protein complex AP-1, gamma subunit	3.56E-02	0.49	23	5	4	1	1		26245	42521	48727	82070	189505	166948	229397	169929	168897	76949	251148	240487
AT5G13450.1	ATP synthase delta/epsilon subunit of ATP synthase	3.58E-02	0.48	42	0	0	1	1		24368	33558	87769	158358	72771	107230	230140	153038	123104	91734	287098	230831
AT3G20000.1	TOM40 - translocase of the outer mitochondrial membrane 40	3.63E-02	0.44	24	2	0	1	1		188	1464	1931	1816	6159	15320	6362	11622	15675	8854	12587	6251
AT5G01750.1	Protein of unknown function (DUF567)	3.64E-02	0.13	28	0	2	1	1	AT5G01750.2	88	33	3368	737	1331	1254	1643	2186	3142	2366	38643	3430
AT4G17770.1	ATTPS5, TPS5 - trehalose phosphatase/synthase 5	3.83E-02	0.41	22	4	3	1	1		2381	2793	13377	25402	13029	20290	17776	66235	35622	18888	26838	20973
AT4G33700.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	3.84E-02	0.43	28	1	4	1	1		2662	4141	3478	12656	15527	23826	9618	27356	15943	49350	19443	22070
AT1G29930.1	CAB1, AB140, CAB140, LHCB1.3 - chlorophyll A/B binding protein 1	3.84E-02	0.42	83	4	0	1	1	AT1G29910.1	11212	14604	122477	174382	148665	131291	295438	222811	179421	129532	246142	378377
AT3G06650.1	ACL8-1 - ATP-citrate lyase B-1	3.87E-02	0.50	43	1	3	1	1	AT5G49460.1	16869	15782	63107	118015	83333	144525	180071	149570	127692	84589	196098	151075
AT1G07930.1	ATMDH1, Mitochondrial dehydrogenase 2	3.90E-02	0.46	50	0	0	1	1		4726	4487	14486	19958	12468	24410	41923	37404	28617	16794	36754	32078
AT2G07698.1	ATPase, F1 complex, alpha subunit protein	3.92E-02	0.43	140	3	0	4	3		36496	18221	148107	249541	125917	124372	412621	339016	138009	130718	362363	258707
AT2G21170.1	TIM, PDTPI - triosephosphate isomerase	3.94E-02	0.37	28	4	0	1	1	AT3G55440.1	55	591	28	4702	2515	875	4722	3427	7730	2896	1568	3660
AT2G42740.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	3.98E-02	0.33	52	0	1	1	1		2571	3073	13408	31059	3089	8495	42623	15634	11803	7958	68665	39902
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	4.01E-02	0.02	33	3	1	1	1		22	0	46	316	46	148	998	523	201	162	22885	96
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	4.04E-02	0.47	46	1	4	1	1		520	5126	2553	594	2266	5056	7404	6317	2925	3541	7096	7140
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	4.06E-02	0.31	41	1	1	1	1		0	0	3689	1683	740	0	1235	908	5309	2865	8253	1062
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	4.10E-02	0.43	57	5	0	2	2		391	2205	980	6869	5060	8345	7098	7328	17873	10593	8366	4827
AT1G13440.1	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	4.11E-02	0.36	116	0	0	2	1	AT3G04120.1;AT1G13440.2	19084	10299	28801	9751	16520	21990	46025	18515	46406	18822	139123	28313
AT5G28840.1	GME - GDP-D-mannose 3',5'-epimerase	4.11E-02	0.49	28	0	0	1	1		3831	2985	35229	22117	24356	30673	36574	42897	38252	29760	49523	45071
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	4.17E-02	0.48	35	5	2	1	1		2171	3179	10929	16961	15301	18311	31442	16364	20598	13248	35008	22167
AT2G26390.1	ATPMDH, PMDH - peroxisomal 3	4.19E-02	0.49	39	0	0	1	1		61	289	4094	2711	2624	4478	8818	5498	3908	2401	11424	9007
AT5G65840.1	Thioredoxin superfamily protein	4.23E-02	0.49	89	3	2	1	1		7512	7895	41299	27128	23240	15786	77865	57717	23190	27001	31414	32011
AT3G16640.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	4.25E-02	0.47	45	0	1	1	1		1471	258	1538	5284	7181	21839	14810	15869	14992	8512	18325	7488
AT1G48520.1	GATB - GLU-ADT subunit B	4.28E-02	0.46	47	1	1	1	1		2239	939	2976	8550	4519	8464	5674	20719	9361	5649	8128	10311
AT5G39830.1	DEGP8, DEG8 - Trypsin family protein with PDZ domain	4.31E-02	0.49	33	2	0	1	1		540	2560	5787	8616	4200	6258	7056	11019	6292	10331	11126	11509
AT1G71720.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	4.34E-02	0.41	82	2	0	2	1		2935	1139	14228	32319	20377	22208	55576	35463	25862	18357	38647	51898
AT2G23890.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	4.35E-02	0.33	20	1	0	1	1		46227	32993	57714	59447	40098	47722	131316	256642	85984	186996	20565	181411

AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	4.37E-02	0.50	40	0	2	1	1		11072	9656	12368	25516	13948	18131	36089	42025	10147	17936	42766	33125
AT2G31810.1	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	4.39E-02	0.35	23	2	1	1	1		81	226	5114	8326	3441	2646	7235	12970	4814	4836	14412	12906
AT4G00430.1	TMP-C, PIP1;4, PIP1E - plasma membrane intrinsic protein 1;4	4.48E-02	0.50	50	0	1	1	1	AT2G45960.1	10581	6777	36249	20345	20359	5911	17102	24315	35997	21116	62886	39160
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.49E-02	0.42	58	1	0	1	1		501	800	3336	769	1562	221	3418	1435	3073	893	5391	2887
AT3G43540.1	Protein of unknown function (DUF1350)	4.51E-02	0.26	51	2	2	1	1		574	842	3208	7781	3180	7416	21753	17719	6214	1549	27987	14840
AT4G14210.2	PDS3, PDS, PDE226 - phytoene desaturase 3	4.56E-02	0.44	38	1	1	1	1	AT4G14210.1	2282	3789	427	12113	5406	15181	24789	14001	9394	12960	8914	19297
AT1G10510.1	emb2004 - RNI-like superfamily protein	4.65E-02	0.45	53	4	0	3	3		1093	2366	3116	15918	17128	38308	50073	13716	21837	18382	41535	26455
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	4.67E-02	0.50	40	5	0	1	1		48241	55970	315710	215662	168005	228622	537978	352871	279162	174476	511581	228362
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	4.68E-02	0.47	77	2	3	1	1		21452	18616	3812	34343	8120	16616	36784	48501	11556	36850	42201	42209
AT5G55100.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	4.71E-02	0.08	30	6	0	1	1		277	445	0	0	0	0	1050	4786	418	1448	0	1254
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	4.75E-02	0.00	40	0	0	1	1	AT4G13940.1	0	0	106	4	57	171	152	173	29	101	107022	323
AT3G63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	4.96E-02	0.37	38	1	2	1	1	AT3G63490.1	1337	1597	27893	34012	24122	45608	72372	60472	31503	23982	100835	73498
AT1G49240.1	ACT8 - actin 8	5.33E-01	0.86	233	1	0	6	2	AT3G12110.1;AT5G09810.1	248236	204496	65021	28333	89621	166009	187631	84047	239355	111387	245440	65065
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	8.22E-01	0.97	146	4	7	3	3		49971	79490	27746	22069	32782	55958	25802	36890	76701	61024	41417	34434

Tabelle B16-c

Summe aller Proteine aus den Phosphoproteinanreicherungen von Col-0 DD und KR nach 7-8h DEX

							Normalized abundance											
							DD					KR						
Proteincode		Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT2G02010.1;AT5G17330.1	GAD4 - glutamate decarboxylase 4	1.27E-09	7.84	507	8	4	154994	151009	186536	160237	167174	149028	20962	15866	24264	28040	18048	16425
AT2G41100.1	TCH3, ATCAL4 - Calcium-binding EF hand family protein	8.57E-09	10.98	74	2	2	27723	29760	16391	25625	21780	19999	3288	2141	2086	1957	1890	1510
AT2G38470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	9.80E-07	11.88	452	7	6	950670	1023601	405998	306739	353614	428938	44382	60186	54358	36482	53357	43285
AT1G80840.1	WRKY40, ATWRKY40 - WRKY DNA-binding protein 40	1.66E-06	12.85	41	1	1	12972	9225	15507	8344	12770	13002	1130	870	494	316	1057	1720
AT2G04860.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.74E-06	6.25	22	1	1	88999	83133	83434	42364	71129	55760	11247	8551	20684	10010	7326	10192
AT1G21130.1;AT1G21100.1;AT1G21110.1;AT1G	O-methyltransferase family protein	3.96E-06	6.08	301	6	5	118522	130731	281521	211823	295770	227539	40265	28509	26569	23499	40335	49062
AT4G04020.1	FIB - fibrillin	6.43E-06	1.73	1258	21	21	1889852	1912573	2332477	2220439	2097512	2054034	3448509	3460289	3326667	3048405	4394284	3989668
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	7.34E-06	14.38	204	4	4	716380	617519	249157	179448	189524	152836	30475	33011	20621	15002	23747	23517
AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	7.49E-06	5.00	190	5	4	89842	95694	45459	53088	58837	42729	10943	14895	11887	10570	20608	8260
AT1G02930.1	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGST1 - glutathione S-transferase 6	7.63E-06	16.41	373	7	2	313203	384251	146983	74620	136358	70913	11609	14415	12749	11823	11861	6163
AT1G55450.1;AT1G55450.2;AT3G54150.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	7.97E-06	4.49	198	4	4	90885	92834	203934	201945	209700	123711	40482	30703	38670	34345	32939	28212
AT4G02940.1	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	8.43E-06	8.65	101	3	3	19988	24630	22226	18566	25411	14138	1473	1538	5684	832	2382	2535
AT1G26380.1	FAD-binding Berberine family protein	1.90E-05	9.42	22	1	1	5900	9037	10794	11445	5563	2933	420	1412	644	411	778	1185
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGST11 - glutathione S-transferase 7	2.99E-05	8.19	361	7	2	88900	126670	87794	76409	73356	43977	7310	12368	6754	16403	15107	2748
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	3.08E-05	8.23	407	7	7	1411997	1464960	587981	368802	554363	351527	76944	100097	105446	134188	86150	73108
AT1G60740.1;AT1G65970.1	Thioredoxin superfamily protein	3.60E-05	8.94	92	2	2	42057	33640	72486	56307	47134	43543	8492	9170	1136	3293	6486	4438
AT5G05730.1;AT3G55870.1;AT5G05730.2	ASA1, TRP5, AMT1, WEI2, JDL1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	4.42E-05	3.62	138	3	3	153634	128597	122069	147589	160282	122455	20923	35555	32067	36692	81984	23484
AT2G32240.1	unknown protein	6.81E-05	3.26	1372	27	26	1316420	1255808	712965	551317	555683	562673	246798	273294	261023	240465	267380	232240
AT5G12930.1	unknown protein	6.81E-05	24.23	30	1	1	76204	55786	7568	20874	9226	19655	2061	2323	903	1278	418	830
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	7.97E-05	3.68	2357	40	35	1672670	1750038	4200651	4186953	4196853	3943424	783489	1021325	820405	828884	1064906	899539
AT1G62020.1	Coatomer, alpha subunit	9.75E-05	1.79	861	22	5	345221	294311	445877	320790	369357	288871	169955	229947	214654	215895	163799	161701
ATCG00750.1	RPS11 - ribosomal protein S11	1.14E-04	1.43	144	2	2	105947	80939	87047	85064	86308	91452	151360	130061	125653	111052	129978	117008
AT2G26560.1	PLP2, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	1.25E-04	2.79	809	13	13	631530	673617	1114855	1160590	1181435	1210443	416221	299897	281849	269722	564903	311446
AT4G26530.1	Aldolase superfamily protein	1.28E-04	1.64	309	4	3	136706	134380	92245	94726	94304	108573	180241	184006	160769	166579	211567	178546
AT4G02930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	1.30E-04	2.09	831	12	11	198923	256262	350483	396773	361978	326481	635400	735468	570188	511308	710256	781696
AT5G54770.1	THI1, TZ, THI4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (THI1) (THI4)	1.31E-04	2.84	1132	16	16	1252007	1123230	3231073	2231514	1900689	1309236	6177560	5736682	3761285	4562505	5890684	5220483
AT2G26530.1;AT2G26530.2	AR781 - Protein of unknown function (DUF1645)	1.56E-04	6.67	165	4	4	122735	146986	48836	33448	38197	43800	9774	10373	7018	6888	20658	10360
AT5G63490.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domains-containing protein	1.84E-04	5.36	76	1	1	16856	18165	7555	5433	12097	4677	2182	1591	3727	1622	1610	1355
AT2G24200.1;AT2G24200.3	Cytosol aminopeptidase family protein	1.93E-04	2.59	111	2	2	32126	37724	51368	34093	39423	22725	14661	11414	7944	18094	14205	17756
AT5G13560.1	unknown protein	1.93E-04	2.57	443	8	8	595595	512005	271287	257241	263787	353765	133967	122531	164602	153704	154116	149536
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	2.16E-04	2.65	62	1	1	31825	49222	60838	53801	62845	32092	12708	12750	25002	23146	19400	16827
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	2.21E-04	1.79	128	3	3	36850	37840	44682	42240	53672	45909	81207	94835	56261	63864	77770	92918
AT5G22950.1	VPS24.1 - SNF7 family protein	2.39E-04	2.62	33	1	1	106389	102801	96895	58144	101016	53682	43796	24622	37412	42457	26036	23614
AT4G02770.1	PSAD-1 - photosystem I subunit D-1	2.40E-04	1.50	226	6	5	132798	130540	181674	169838	171090	179424	239438	270992	201981	241417	261241	236523
AT2G41430.1;AT2G41430.3	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	2.71E-04	3.92	139	3	3	1551755	1435419	824719	645923	696676	464545	383245	179159	264917	284284	160421	160151
AT4G35450.1;AT4G35450.4;AT4G35450.5	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	2.71E-04	1.68	328	9	8	313535	302643	452669	428676	356901	436373	656316	538621	793250	708669	576466	564042
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	2.72E-04	1.66	131	4	1	163615	175191	122532	182592	151859	191861	219953	268234	281728	348679	239194	277851
AT5G11670.1;AT5G25880.1	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	2.89E-04	3.35	106	3	3	30365	16219	30966	40255	41375	52386	6212	9723	12324	7200	16708	10949
AT2G42750.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	3.06E-04	2.70	49	1	1	4398	3008	2546	7264	6046	6057	16532	9183	12310	12752	12181	16136
AT4G24900.1	unknown protein; Has 119 Blast hits to 96 proteins in 40 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 81; Fungi - (	3.17E-04	4.29	28	1	1	2321	1904	8800	3308	3391	1800	22449	23185	10449	14287	13440	8513
AT5G35100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	3.24E-04	1.64	135	3	3	75127	84187	97499	108491	95726	122122	181305	134441	156334	158743	190823	133747
AT5G16370.1	AAE5 - acyl activating enzyme 5	3.46E-04	1.77	62	2	2	21238	14496	24421	18209	18920	18681	8762	13804	8908	9744	13479	10921
AT4G35090.1;AT4G35090.2	CAT2 - catalase 2	3.65E-04	1.88	1287	21	11	1841593	1617735	2748723	2568430	2587768	2313260	4320310	3245176	3843023	3689630	5591984	5006177
AT2G15620.1	NIR1, NIR, ATHNIR - nitrite reductase 1	4.08E-04	2.44	38	1	1	8472	9333	3762	4774	6024	3441	14437	16903	15124	10427	16350	14038
AT2G36250.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	4.32E-04	1.87	1696	21	11	767785	689050	1023865	1374056	821772	1150460	1892313	2027365	1489300	1457257	1981878	2071506
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	4.36E-04	11.24	377	4	4	866160	790841	115834	152943	148834	190416	27431	27377	14615	29107	78275	24719
AT5G63570.1;AT3G48730.1	GSA1 - glutamate-1-semialdehyde-2,1-aminomutase	4.72E-04	1.66	354	7	7	139078	150458	187805	222379	177871	222458	353387	290435	273544	246687	366624	296007
AT4G19530.1	disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	4.80E-04	4.05	29	1	1	32543	23576	7430	21434	11045	13166	60548	103691	32508	67041	106131	72684
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	4.85E-04	2.37	1735	32	31	4315931	4056016	9411199	8521879	8657394	10578373	21362437	20575654	14839736	15962443	18901191	16160800
AT3G15730.1;AT1G52570.1	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	4.91E-04	1.33	1306	23	21	2968678	2961938	3744215	2861574	3786792	3528679	2327738	2475177	2614601	2515439	2573431	2408725
AT2G30770.1;AT1G11610.1	CYP71A13 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 13	5.33E-04	4.07	91	3	3	17122	12359	49653	30938	41726	25251	4882	5688	5435	6454	15418	5602
AT5G22060.1	ATJ2, J2 - DNAJ homologue 2	6.01E-04	7.21	273	6	1	70714	61734	19222	12522	12211	24067	2919	2717	8598	6765	2979	3845
AT5G18490.1	Plant protein of unknown function (DUF946)	6.65E-04	Infinity	34	1	1	0	3981	580	968	435	1093	0	0	0	0	0	0
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.81E-04	1.99	968	13	13	583387	613921	362461	361773	482442	359314	216487	245994	326382	242169	199036	159357
AT2G37790.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	7.15E-04	Infinity	20	1	1	0	0	0	0	0	0	902	268	147	0	636	1327
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	8.32E-04	2.42	486	10	9	1287187	1517180	749524	647878	678266	560963	355376	353947	424782	439233	367903	304065
AT1G06680.1;AT1G06680.2	PSBP-1, OEE2, PSII-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	8.75E-04	2.12	297	3	1	14736	13525	23694	33569	15940	27887	50302	47911	41246	32241	51344	51169
AT3G02200.1;AT3G02200.2	Proteasome component (PCI) domain protein	8.86E-04	1.84	70	2	2	34305	34802	41715	46856	52460	28506	20118	21434	22855	31432	17262	16900
AT1G33810.1	unknown protein	9.90E-04	1.37	100	2	2	157975	155333	124867	158528	184454	138454	107792	112527	114711	129074	112745	95305
AT2G20900.1;AT2G20900.2	DGK5, ATDGK5 - diacylglycerol kinase 5	1.04E-03	3.56	85	2	2	13494	21910	12012	8302	28439	37063	7493	7002	4926	3574	5207	5805
AT3G47650.1	Dnaj/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	1.10E-03	2.13	228	4	3	46538	41308	43352	37596	57577	64144	70660	123602	116820	144410	61012	101930
AT3G26910.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1.11E-03	3.28	41	1	1	24287	22508	13636	10351	12271	18465	3102	2361	7113	4246	11490	2592
AT3G48560.1	CSR1, ALS, AHAS, TZP5, IMR1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	1.16E-03	1.47	1641	28	27	1988076	1849835	2718350	2246054	1982816	2341065	3613478	2954874	2841696	2672324	4020358	3193463
AT4G38710.1;AT4G38710.2	glycine-rich protein	1.20E-03	5.24	227	5	5	180651	155361	52469	55205	44321	24904	18861	14160	16482	18136	13977	16348
AT1G71500.1	Rieske (2Fe-2S) domain-containing protein	1.21E-03	1.57	124	2	2	35325	33327	26347	26418	24035	36836	54461	50002	41412	36687	57173	45567
AT4G38970.1;AT4G38970.2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	1.30E-03	1.42	1847	26	13	6309937	7001828	9680128	9520644	9334928	8610872	10868341	13484385	12373174	10853011	11626393	12239097
AT2G20580.1	RPN1A, ATRPN1A - 26S proteasome regulatory subunit S2 1A	1.38E-03	1.30	1757	26	20	1488117	1522390	1148530	1420005	1528587	1559087	1187902	948155	1156978	1095725	1207710	1085570
AT5G19140.1;AT5G19140.2	ATAILP1, AILP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	1.41E-03	2.61	238	3	3	22319	36131	71929	59151	26285	26398	174251	106523	69104	83758	98660	100390
AT3G19800.1;AT3G19800.2	Protein of unknown function (DUF177)	1.45E-03	1.96	38	1	1	13071	16062	11829	23045	19947	27890	31397	34374	45779	26011	43830	37822
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	1.46E-03	1.91	732	16	16	318568	332566	777755	610867	715090	535979	1144387	1160643	912343	968205	1093837	996621
AT1G26810.1	GALT1 - galactosyltransferase1	1.49E-03	2.18	28	1	1	54200	38588	32532	24815	33514	18934	14505	16601	18544	19475	12125	11639
AT3G08870.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	1.50E-03	2.69	26	1	1	39972	56865	45267	73443	49630	44995	10306	48606	20223	11815	9052	15307
AT3G50820.1	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	1.51E-03	2.84	173	4	1	9519	8899	14308	4224	8149	18012	22665	26571	31210	49524	32187	17205
AT4G22690.1	CYP706A1 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 1	1.58E-03	3.31	776	12	12	222058	167976	487806	453212	667448	733645	156065	157052	138980	117811	139423	116940
AT1G70770.1;AT1G23170.2	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	1.64E-03	2.47	207	5	5	227958	195999	96407	89392	138983	178452	49935	65045	99085	66669	59082	35908
AT5G67110.1	ALC - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	1.64E-03	3.79	37	1	1	154653	117076	45964	35804	37622	55999	18390	14894	17254	18928	34881	13749
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	1.65E-03	3.95	1958	36	36	7925401	8206841	2483832	2043274	2255723	2679869	871492	803396	1516055	1476252	975890	833926
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.66E-03	1.72	251	4	4	110383	90615	230760	164853	149349	130525	282856	255725	240264	248555	253367	223583
AT5G46910.1	Transcription factor jumonji (jmj) family protein / zinc finger (C5HC2 type) family protein	1.68E-03	1.97	33	1	1	52292	41122	78365	100966	56638	68931	167306	136509	98562	106140	105777	169508
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	1.70E-03	1.73	2447	29	5	180058	177222	150896	115230	110009	104979	219692	294447	164192	240192	273423	258885
AT3G46780.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	1.79E-03	1.78	762	15	14	526863	475674	983404	854041	744440	648811	1512236	1475196	930633	1013822	1350871	1242271
AT2G21390.1	Coatomer, alpha subunit	1.81E-03	2.13	1598	31	14	6664796	5867819	3739409	2837018	4113219	3384919	2002676	1887936	2641873	2937635	1643805	1403899
AT3G51160.1;AT5G66280.1	MUR1, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.91E-03	1.56	289	3	3	286761	235354	343552	400966	335019	388769	232759	243870	161342	189985	214566	237258
AT1G59870.1;AT1G52210.1;AT1G66950.1;AT3G	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	1.92E-03	2.82	1183	25	21	427088	372435	1166905	877614	1137860	1007890	439139	332635	208239	283739	261086	244204
AT2G16365.1	F-box family protein	2.05E-03	1.59	21	1	1	68570	49616	62512	55537	51679	46682	108301	86010	64549	68003	100023	105474
AT1G07870.1	Protein kinase superfamily protein	2.06E-03	17.79	64	2	1	0	0	535	0	0	236	4891	370	2787	970	3116	1581
AT1G32790.2;AT1G32790.1;AT3G14450.1;AT3G	CID11 - CTC-interacting domain 11	2.17E-03	2.03	145	4	4	185137	136094	190476	120333	144628	102252	135126	68947	54670	71691	45662	57404
AT4G15560.1	CLA1, DEF, CLA, DXS, DXPS2 - Deoxyxylulose-5-phosphate synthase	2.20E-03	2.06	265	3	3	83225	82781	157490	225840	151663	205752	378719	333097	250945	278140	363303	260731
AT5G14910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	2.30E-03	1.43	324	4	4	1106840	1056409	1805058	1206822	1289526	1019892	1709312	1814334	1838969	1835286	1973466	1533534
AT1G78850.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	2.34E-03	2.12	39	1	1	30341	43156	42882	33869	32713	24434	10596	7752	23583	15787	21993	18265
AT5G35980.1	YAK1 - yeast YAK1-related gene 1	2.52E-03	12.18	89	2	2	17355	11442	4469	3690	4669	1422	448	794	387	1564	24	316

AT4G31580.1	SRZ-22, SRZ22, RSZP22, RSZ22, At-RSZ22 - serine/arginine-rich 22	2.52E-03	8.71	46	1	1	19938	18293	2803	4637	5918	2342	853	1112	291	2391	217	1331
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	2.55E-03	1.88	436	7	7	255530	323571	600664	662186	460594	611209	861325	952776	753008	815382	1156550	927601
AT4G20720.1;AT1G05090.1	dentin sialophosphoprotein-related	2.55E-03	2.62	125	2	2	134752	124142	117007	46004	112062	100675	18067	28689	61241	60537	39102	34807
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.56E-03	1.55	1238	25	11	276799	303621	395420	369301	400725	487045	568040	626820	486298	522709	769968	485307
AT3G55800.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	2.56E-03	1.80	186	5	5	105473	86407	136822	161991	140215	173758	290064	215506	196402	166791	321022	262554
AT3G44720.1;AT5G22630.1	ADT4 - arogenate dehydratase 4	2.60E-03	5.26	116	3	1	10234	9872	30948	19448	32117	18278	7724	8285	3564	702	655	2061
AT3G28270.1	Protein of unknown function (DUF677)	2.76E-03	1.99	112	3	3	17574	14471	29220	20340	24139	23917	30801	34389	32253	37903	71873	50412
AT5G55220.1	trigger factor type chaperone family protein	2.77E-03	1.45	484	9	9	122910	115955	149670	174319	166036	154401	206193	155385	236786	210162	234780	234919
AT2G45540.1;AT2G45540.2;AT3G60920.1	WD-40 repeat family protein / beige-related	3.05E-03	1.93	1023	18	18	935195	863209	427349	380766	527314	530552	286956	281448	314938	382682	316709	312693
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	3.15E-03	1.65	152	3	3	88732	97900	165570	111623	96939	106860	205831	196697	157010	160009	247544	131779
AT3G54640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	3.21E-03	2.25	67	2	2	35302	54653	93877	77792	64200	38222	21375	34757	15222	32564	26554	31642
AT3G01500.2;AT3G01500.3	CA1 - carbonic anhydrase 1	3.24E-03	6.49	2375	33	1	1797	2393	6732	8159	3670	5077	39680	9048	10931	9433	60912	50637
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	3.27E-03	2.41	284	4	4	114058	125149	202611	333948	261904	409321	613371	648516	453906	330864	783454	658866
AT2G12550.1	ubiquitin-associated (UBA)/TS-N domain-containing protein	3.40E-03	2.23	20	1	1	16855	22688	26130	14571	17320	15808	11429	12681	3966	4056	10234	8445
AT4G18490.1	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHL-1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.41E-03	1.51	395	6	2	38641	34882	63657	46280	65721	47017	82078	84167	66800	72847	63885	77953
AT5G15090.1	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	3.52E-03	1.70	355	9	7	108693	122421	275995	175431	198586	150760	343025	230367	270690	329458	307184	275602
AT1G79230.1	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1, STR1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	3.57E-03	1.53	54	1	1	19126	18229	23807	33524	31372	31793	39867	46663	34573	38002	44517	38377
AT1G15520.1	PDR12, ATPDR12, ABCG40, ATABCG40 - pleiotropic drug resistance 12	3.60E-03	22.27	279	5	1	453	572	1376	1886	3805	4952	280	13	131	0	127	34
AT1G09340.1	CRB, CSP41B, HIP1.3 - chloroplast RNA binding	3.64E-03	1.57	585	11	11	531690	578621	1028629	658485	881027	694137	1447132	1133855	1006691	882913	1231173	1171248
AT3G11820.2	SYP121, AT-SYR1, ATSYP121, SYR1, ATSYR1, PEN1 - syntaxin of plants 121	3.64E-03	1.75	72	1	1	13751	13522	21793	24070	16720	20121	10899	11095	10858	14857	8533	6546
AT4G09775.1	unknown protein	3.66E-03	3.44	20	1	1	1958	1964	5943	1550	696	4531	8971	14550	3877	9490	7594	12803
AT4G33680.1	AGD2 - Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein	3.70E-03	1.94	22	1	1	7017	10533	11074	20993	11090	21056	21466	34037	21078	25927	31094	25287
AT2G33150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	3.74E-03	1.84	214	6	6	65228	82001	138828	118464	127640	100642	307676	200508	148709	144408	185138	178524
AT2G41740.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	3.83E-03	1.70	675	13	12	1598642	1556963	1011009	901343	1006231	851432	618264	516904	826846	857022	635911	613278
AT3G26900.1	SKL1, ATSKL1 - shikimate kinase like 1	3.93E-03	2.33	70	2	2	19270	31397	30263	33766	44144	53982	112192	96260	62336	36918	104303	84513
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	3.97E-03	1.50	234	6	5	63188	49906	77015	87515	90377	96186	119804	132142	108916	95920	129429	109720
AT3G13430.1	RING/U-box superfamily protein	3.98E-03	6.10	30	1	1	40448	19371	11082	3760	9772	4099	3105	4182	2241	1375	2375	1232
AT5G04140.2;AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLUS, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	4.07E-03	1.47	790	16	15	297419	281652	434616	482220	465570	450207	535755	607605	544386	525656	699489	622399
AT3G63540.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	4.19E-03	2.10	62	1	1	2964	4934	4359	3092	6646	9171	10707	9514	16602	9504	12211	7010
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	4.21E-03	1.82	319	6	6	119169	140950	236240	246977	233741	262254	410287	356017	304175	256940	459127	463193
AT1G24851.1	unknown protein	4.25E-03	3.18	29	1	1	9713	21812	44597	52496	29419	20132	71447	42711	70743	72964	142443	166971
AT2G35130.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.36E-03	2.06	26	1	1	21515	8911	12375	16072	14788	14419	3406	8578	7221	11291	6869	5380
AT4G21210.1;AT3G01200.1;AT4G21210.2	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	4.36E-03	1.95	719	12	11	609786	640090	1177504	1718731	1312844	1253754	2384818	2253808	1672949	1542132	2666886	2542689
AT3G54050.1	HCEF1 - high cyclic electron flow 1	4.38E-03	1.91	104	3	3	27915	21893	39931	53597	35695	34026	63939	83539	39487	55527	71580	93332
AT2G16920.1	UBC23, PFU2 - ubiquitin-conjugating enzyme 23	4.44E-03	1.86	25	1	1	72577	69629	100236	62766	93276	70197	220608	109916	147469	154737	156402	80289
AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	4.48E-03	1.71	457	9	9	769969	711472	558576	437485	508323	338261	282948	348543	353002	397635	284509	275013
AT4G34620.1	SSR16 - small subunit ribosomal protein 16	4.53E-03	1.64	72	3	3	42257	46138	78313	79194	77821	58875	142700	101151	95656	78203	105246	104785
AT2G29630.1	PY, THIC - thiaminC	4.56E-03	1.32	766	16	16	510989	504168	735148	634508	633342	699685	674594	815369	862881	924611	830746	792519
AT5G63190.1	MA3 domain-containing protein	4.62E-03	3.02	77	1	1	82072	101895	22152	29838	42266	40740	11298	14075	29603	13186	21918	15703
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	4.63E-03	1.57	622	8	8	455228	506383	852442	684249	649118	477050	932310	955667	693013	836576	1202874	1075201
AT2G06530.1	VPS2.1 - SNF7 family protein	4.64E-03	2.03	33	1	1	27100	25049	13390	12287	16144	18489	8301	6443	14971	11524	5627	8613
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-G, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	4.70E-03	1.50	791	15	15	555864	552445	859564	747113	953843	1049224	1224157	1139804	1184356	1010122	1377845	1130332
AT2G04039.2;AT2G04039.3	unknown protein	4.82E-03	2.12	27	1	1	1885	2640	2462	1500	1601	751	5690	3326	4887	2776	2898	3436
AT2G31660.1	SAD2, URM9 - ARM repeat superfamily protein	4.91E-03	1.93	275	4	3	650606	682492	414591	304236	502239	408447	188522	161983	379753	339698	245924	222434
AT1G34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	4.95E-03	1.52	1180	21	17	1006407	909143	1796902	1402216	1256207	1081556	1850019	2184681	1445897	1664361	2149788	2006878
AT5G16390.2;AT5G15530.1;AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1, CAC1-A, BCCP-1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	4.99E-03	2.12	361	7	6	403999	336020	664075	715924	565953	1054871	1307546	1232595	1079975	752850	2036654	1510335
AT3G54890.1;AT3G54890.2	LHCA1 - photosystem I light harvesting complex gene 1	5.01E-03	1.70	130	4	4	33709	26252	22410	47952	33548	32174	51212	53881	43491	43030	86787	55617
AT3G10920.2	MSD1 - manganese superoxide dismutase 1	5.01E-03	2.30	143	3	3	17411	9260	17269	10877	27396	19554	33564	47727	21853	28448	68672	33835
AT2G42730.1	F-box family protein	5.02E-03	3.91	27	1	1	14635	8623	11349	34989	39521	13726	5158	12999	4897	1832	1656	4900
AT3G23400.1	FIB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	5.04E-03	1.91	132	4	4	136337	125389	283037	163776	174481	117140	350204	339891	174156	271406	435124	340544
AT4G04330.1	Chaperonin-like RbcX protein	5.11E-03	1.74	153	4	4	102724	130192	241899	182708	186571	136536	101888	109512	65797	84843	104815	97698
AT5G20720.1	CPN20, CPN10, CHCPN10, ATCPN21, CPN21 - chaperonin 20	5.23E-03	1.56	131	4	4	219469	282242	443320	396970	311202	267816	619338	524868	385643	453278	584922	436183
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.27E-03	2.55	339	5	5	33661	38163	91706	77673	104924	120322	219706	198564	123312	105430	309711	233032
AT1G11990.1	O-fucosyltransferase family protein	5.31E-03	2.53	20	1	1	4182	6601	14321	15076	8192	11056	20993	19707	19708	15566	52087	22515
AT1G36160.1;AT1G36180.2	ACC1, AT-ACC1, EMB22, GK, PAS3 - acetyl-CoA carboxylase 1	5.44E-03	2.19	880	20	13	1284398	1348766	658165	510287	711335	510053	294338	404676	360564	591161	357115	287165
ATCG00540.1	PETA - photosynthetic electron transfer A	5.50E-03	2.01	85	1	1	14422	10131	23523	34558	24993	26443	49898	56748	30130	33700	45053	54062
AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family protein	5.57E-03	1.30	643	9	9	581851	523538	659071	769706	479346	568198	721816	866357	701062	846139	775091	745758
AT5G48880.1	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	5.61E-03	4.49	349	5	1	3047	1335	91	2406	507	230	4461	4269	3481	6807	9773	5429
AT1G31930.1	XLG3 - extra-large GTP-binding protein 3	5.78E-03	5.23	79	2	2	135050	112626	25110	18277	20860	32417	12235	7955	13985	16714	5324	9595
AT1G43700.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	5.79E-03	2.04	313	6	4	688719	806990	537033	388418	435682	316807	192665	253469	306287	439630	191765	171938
AT4G35800.1	NRPB1, RPB1, RNA_POL_II_LSRNA_POL_II_LS, RNA_POL_II_LS - RNA polymerase II large subunit	5.82E-03	6.62	30	1	1	77077	65743	9281	11427	11822	14765	2080	4183	10311	7564	3139	1455
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	5.85E-03	1.71	132	3	2	113798	69742	108443	85049	61253	50383	196739	156126	108791	110948	135517	128506
AT5G51100.1;AT4G00651.1	FSD2 - Fe superoxide dismutase 2	5.93E-03	1.39	318	5	5	231672	260599	247163	216448	231099	174032	118662	167301	145987	206852	180229	160549
AT1G31330.1	PSAF - photosystem I subunit F	5.96E-03	1.54	112	1	1	75686	67101	151255	120122	76655	74125	142153	151964	138682	154772	154577	127200
AT3G26450.1;AT3G26460.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	6.10E-03	2.63	80	2	2	5153	5250	14955	17080	8835	12955	25660	27147	11936	21629	45658	36587
AT2G40560.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2	6.30E-03	1.61	1861	29	29	12982196	12287423	9187984	7383201	8837008	6354655	6069346	5136140	7012821	7135643	5121016	4854311
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	6.32E-03	3.87	122	2	2	1685	3317	10806	23196	19618	25284	60178	57350	39372	26442	84331	56653
AT1G13360.1	unknown protein	6.34E-03	2.11	69	2	2	99690	118457	75578	83187	65981	51250	17728	37821	42915	74044	38083	23931
AT5G07340.1	Calreticulin family protein	6.36E-03	2.89	405	8	1	23540	26008	9534	12611	9393	6105	2976	4394	7537	7905	2810	4580
AT1G29910.1;AT2G34420.1;AT2G34430.1	CAB3, AB180, LHCB1.2 - chlorophyll A/B binding protein 3	6.37E-03	1.89	435	8	6	203987	197647	356358	455006	482110	607986	784585	579958	825454	606744	637954	909073
AT3G15980.1;AT3G15980.5	Coatomer, beta' subunit	6.38E-03	3.20	623	13	1	931999	972893	324338	271295	312902	288391	80959	143015	227046	295145	137462	84854
AT1G09070.1	SRC2, (AT)SRC2 - soybean gene regulated by cold-2	6.43E-03	4.50	28	1	1	9454	7927	1832	4338	4302	4443	958	1378	3006	1316	116	401
AT1G20020.2	ATLFNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	6.54E-03	1.81	480	9	2	13592	11814	8405	4939	4373	7694	19020	12262	14039	15460	15013	16022
AT1G32550.1;AT1G32550.2	FdC1 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	6.56E-03	1.57	58	1	1	23450	17609	18254	34776	19525	29467	46418	38802	27555	41849	31754	38089
AT1G74470.1	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	6.62E-03	2.38	97	3	3	6487	5692	12845	29484	19518	22873	43612	40735	25799	28031	45665	47093
AT4G01690.1	PPOX, HEMG1, PPO1 - Flavin containing amine oxidoreductase family	6.64E-03	2.47	102	3	2	5894	4171	29117	9690	15132	18809	43104	32590	30460	24932	47628	25956
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	6.69E-03	1.82	176	3	3	66312	54037	128201	142394	135856	166824	198323	194709	244278	242063	212088	170404
AT4G38760.1	Protein of unknown function (DUF3414)	6.90E-03	1.49	22	1	1	37077	19801	29333	40397	40134	28412	40479	48841	45401	50229	59607	45968
AT1G64710.1	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein	6.97E-03	2.42	123	3	3	52441	49870	156537	87903	106648	58043	59694	39104	15918	33363	33180	30175
AT1G53165.1;AT1G53165.3	ATMAP4K ALPHA1 - Protein kinase superfamily protein	7.02E-03	2.50	53	1	1	87078	87368	59193	32927	35747	27761	12192	21957	27333	34436	15599	20476
AT3G05625.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.03E-03	1.46	153	4	4	105563	63696	98981	108905	132644	129968	184785	148084	154284	132034	146265	171710
AT5G10450.4;AT5G10450.1	GRF6 - G-box regulating factor 6	7.10E-03	1.32	1124	15	4	420787	356276	350056	475455	381490	405871	580803	606780	419864	485264	602834	452554
AT4G17720.1;AT5G46870.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.11E-03	2.14	167	4	4	102332	89058	89209	37687	41343	47458	44567	24889	33298	28051	22269	36773
AT1G79940.1	ATERDJ2A - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	7.20E-03	3.09	58	2	1	10638	10325	14535	9470	16839	23067	4881	4835	4723	8426	656	3921
AT3G22110.1;AT4G15165.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	7.24E-03	1.93	168	2	2	14550	16285	27725	44968	34239	30498	40092	50592	39229	52105	66522	76349
AT1G18500.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	7.28E-03	1.61	1579	22	8	401384	374993	651849	680576	574476	756820	1008868	941534	697022	712977	1198985	994043
AT5G52100.1	crr1 - Dihydrodipicolinate reductase, bacterial/plant	7.30E-03	1.76	48	1	1	17603	29114	41571	46842	45181	37054	62151	89429	62641	68642	49286	49565
AT1G26300.1	BSD domain-containing protein	7.37E-03	3.10	35	1	1	15149	13454	17382	11794	13448	6702	601	1960	4574	5508	7844	4615
AT2G33540.1	CPL3, ATCPL3 - C-terminal domain phosphatase-like 3	7.43E-03	1.90	109	3	3	232577	278273	147950	123013	169347	144273	74537	62696	151879	135510	68453	81970
AT3G48870.1	ATCLPC, ATHSP93-III, HSP93-III - Clp ATPase	7.49E-03	1.80	3411	55	4	37000	34198	42246	89882	77319	72718	122548	124008	88214	73277	111444	117536
AT2G21330.1;AT2G21330.2	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	7.58E-03	1.34	1357	23	10	4011791	3963717	5852521	5898160	5756471	4756152	5651938	7917810	6424266	6904568	7096761	6412429
ATCG00480.1	ATPB, PB - ATP synthase subunit beta	7.66E-03	1.86	7107	94	91	67422018	61230072	197410668	141658417	135357002	116099436	254102339	267337592	159080472	175803729	255441889	227967198
AT3G60750.1;AT3G60750.2	Transketolase	7.69E-03	1.60	2061	34	24	2686786	2821570	4246063	4817624	6313743	5439663	7745087	6836308	6173741	5729946	8205015	7353637
AT4G23670.1;AT2G01520.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	7.81E-03	1.46	129	2	2	46087	50022	37057	43267	32139	26274	53291	45259	66865	68421	56540	52327
AT3G56410.2	Protein of unknown function (DUF3133)	7.94E-03	62.58	487	9	1	66155	90615	2050	306	843	5797	0	0	126	2366	0	156

AT1G08450.2;AT1G08450.1	CRT3, PSL1, EBS2, AtCRT3 - calreticulin 3	7.94E-03	2.62	29	1	1	108994	108822	53932	44589	51835	29966	10724	17969	30005	34043	22109	36994
AT4G08630.1	unknown protein	7.95E-03	1.98	58	2	2	228040	257312	177582	112535	133409	87568	85672	87399	78877	103453	55815	90844
AT4G25940.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	8.00E-03	1.95	57	1	1	117012	120862	67803	64821	84455	54919	41930	41408	61005	62150	22258	32398
AT3G52750.1	FTSZ2-2 - Tubulin/FtsZ family protein	8.15E-03	1.27	1927	27	17	1476436	1664986	2333233	1697092	1716966	1636310	2168816	2488498	1875397	2189488	2248037	2415929
AT5G07120.1	SNX2b - sorting nexin 2B	8.45E-03	2.79	269	5	5	339721	257381	114458	77221	139083	125260	53753	31327	93450	119845	39515	39013
AT5G49780.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	8.51E-03	5.95	23	1	1	116694	117893	14465	20104	25625	18859	1484	5403	9947	29422	3496	2963
AT3G52200.2;AT3G52200.1	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	8.51E-03	1.27	582	9	9	799868	741607	601831	851031	529880	625777	848756	859262	905052	825559	907136	920680
AT2G38230.1;AT2G38210.1;AT3G16050.1	ATPDX1.1, PDX1.1 - pyridoxine biosynthesis 1.1	8.58E-03	1.59	2031	29	17	2621638	2259062	2116691	2706821	1960741	2127076	4267137	4192259	2419917	2379836	4594724	4091365
AT5G63910.1	FCLY - farnesylcysteine lyase	8.60E-03	1.63	83	1	1	11165	9021	5182	11732	8466	10859	7895	4803	5782	5047	5068	5959
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	8.67E-03	2.15	689	12	12	2128202	2221765	1020538	716397	1112113	937601	637845	548692	786249	825055	578436	405642
AT5G01600.1	ATFER1, FER1 - ferretin 1	8.68E-03	1.75	206	4	4	530073	634915	288059	428817	334363	312968	174290	186219	302669	201049	331522	248584
AT1G74040.1	IMS1, MAML-3, IPMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	8.68E-03	2.04	1122	17	3	16530	19894	26219	45743	27106	43010	65343	73444	44972	30333	72910	77117
AT4G31700.1;AT4G31700.2	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	8.69E-03	4.45	322	5	1	56014	43711	30429	11204	8647	9977	6574	5453	10183	6160	1738	5832
AT1G42970.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	8.85E-03	1.63	2456	35	29	9005342	8469354	20107792	15925564	18816743	15719854	25563588	24907549	19865767	19739227	29270512	24314857
AT2G39800.1;AT2G39800.2	P5CS1, ATP5CS - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	8.87E-03	3.01	1046	23	2	2713	6311	19478	12340	13503	16136	43430	51997	14087	23268	48949	30128
AT1G65580.1	FRA3 - Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	8.96E-03	2.91	21	1	1	34497	30497	11299	8501	16027	14309	4929	2808	7348	12414	9207	2911
AT4G02520.1;AT2G02930.1	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	9.02E-03	1.59	496	9	8	507625	529937	930867	644765	689113	471143	381912	408487	306915	279602	466628	528090
AT5G58940.1	CRCK1 - calmodulin-binding receptor-like cytoplasmic kinase 1	9.09E-03	2.99	49	2	1	4069	8563	18514	18817	13330	9532	74345	40641	24516	12611	33572	32342
AT4G29060.1;AT4G29060.2	emb2726 - elongation factor Ts family protein	9.19E-03	1.19	1203	25	23	1406011	1428084	1242233	1212495	1082939	1110297	1337493	1434875	1502083	1655658	1469900	1502203
AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein	9.28E-03	2.21	130	2	2	4329	6986	18349	18229	16433	23368	41043	32695	21243	28729	32151	38166
AT5G56030.1;AT5G56000.1;AT5G56010.1;ATSG5	HSP81-2, ERD8, HSP90.2, AtHsp90.2 - heat shock protein 81-2	9.43E-03	1.80	1992	31	25	13102315	12232856	5654728	5814951	6929283	6235713	3927004	4515457	5299226	5694784	4019932	4234090
AT3G59140.1	ATMRP14, MRP14, ABCC10 - multidrug resistance-associated protein 14	9.45E-03	2.52	20	1	1	8859	6130	11373	15906	16838	13038	33644	44077	12875	14303	36688	40247
AT3G27530.1	GC6, MAG4 - golgin candidate 6	9.59E-03	2.20	353	8	8	1268243	1102118	587727	376588	574584	529494	307591	304645	406213	532055	215264	253542
AT1G21660.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	9.72E-03	2.03	36	1	1	6170	4887	4405	3628	7548	19263	14718	14958	15334	10468	24077	13602
AT2G37720.1	TBL15 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 15	9.72E-03	2.58	34	1	1	18782	14015	20196	37999	11663	14499	75616	45487	28498	18535	71562	62905
AT1G67840.1	CSK - chloroplast sensor kinase	9.76E-03	1.78	95	2	2	12831	7209	20878	18377	10600	15494	21871	21686	19713	20387	33328	35328
AT4G03430.1	STA1, EMB2770 - pre-mRNA splicing factor-related	9.78E-03	3.10	201	3	3	162128	113709	46375	38856	33664	43828	16326	19399	25935	48789	11535	19305
AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	9.90E-03	2.66	328	4	4	618884	709750	214715	204595	210633	258762	88112	121118	183802	236664	100185	102166
AT1G17147.1	VQ motif-containing protein	9.93E-03	19.35	82	1	1	17231	17924	6045	8129	9303	14206	1010	0	733	1510	0	511
AT5G28500.1;AT5G28500.2	unknown protein	9.93E-03	1.28	1176	18	16	2397600	2515452	2425134	2185036	2194530	2209066	2359418	2533167	3280944	3543149	3382967	2689631
AT3G55760.1	unknown protein	1.00E-02	1.47	387	7	7	250598	252044	498729	364447	334938	353760	209458	236851	207992	213218	272690	254328
AT4G24190.1	SHD, HSP90.7, AtHsp90.7, AtHsp90-7 - Chaperone protein htpG family protein	1.01E-02	1.62	2443	37	30	9162519	9576009	6292358	5385135	5952926	4753540	3955974	3681782	5017438	5909321	3385827	3366780
AT4G14090.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.01E-02	2.69	20	1	1	43316	40395	169020	68487	89173	95926	339372	237062	67503	207606	267808	244401
AT5G35790.1;AT1G24280.1	G6PD1 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	1.04E-02	1.81	354	6	6	59738	56156	146249	106283	131802	137953	267311	213376	137709	144625	206544	187472
AT5G64040.1;AT5G64040.2	PSAN - photosystem I reaction center subunit PSI-N, chloroplast, putative / PSI-N, putative (PSAN)	1.05E-02	1.21	123	3	3	159376	144513	142965	136185	124715	167182	171679	161813	204635	192437	173625	154922
AT4G29670.1	ACHT2 - atypical CYS HIS rich thioredoxin 2	1.05E-02	24.82	26	1	1	483	116	234	58	48	2918	23	17	45	1	56	13
ATCG00120.1	ATPA - ATP synthase subunit alpha	1.06E-02	1.70	4495	58	48	72698874	75809557	171414038	163714856	187350262	146965268	292400858	219929794	218413824	177181365	261249870	222050816
AT5G39510.1	VTI11, ATVTI1A, ATVTI11, ZIG, SGR4, VTI1A, ZIG1 - Vesicle transport v-SNARE family protein	1.06E-02	2.01	27	1	1	9881	7440	10455	3967	4940	6817	4800	3616	3115	4471	1679	4014
AT4G19870.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1.06E-02	2.03	20	1	1	44866	51285	61013	43754	40911	20293	14600	10315	26484	29226	19594	28749
AT5G04060.1	Protein of unknown function (DUF1997)	1.07E-02	1.90	41	1	1	12992	6976	14621	20430	19185	28448	38427	34109	27346	20810	43318	30569
AT5G58070.1	ATTIL, TIL - temperature-induced lipocalin	1.07E-02	1.55	167	5	5	122439	125019	200034	192142	163738	152083	197871	273305	189715	194799	367314	255732
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	1.07E-02	2.94	403	5	4	315808	291098	71975	83711	87430	163019	37456	52401	87604	80896	44493	42214
AT3G27800.1	unknown protein; Has 2 Blast hits to 2 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	1.08E-02	2.17	23	1	1	367460	486872	157904	377944	339026	191360	190838	185491	208693	74610	124453	101203
AT5G52640.1	HSP81-1, ATHS83, HSP81.1, HSP83, ATHSP90.1, AtHsp90-1, HSP90.1 - heat shock protein 90.1	1.08E-02	3.47	406	8	1	177967	141820	31989	36418	47201	55257	15628	22389	35880	36660	10254	20703
AT5G43380.1	TOPP6 - type one serine/threonine protein phosphatase 6	1.09E-02	2.04	22	1	1	15984	17984	23413	56419	41659	71230	85651	73700	80037	48894	99737	74884
AT5G57350.1	AHA3, ATAHA3, HA3 - H(+)-ATPase 3	1.10E-02	2.35	261	6	1	3107	1672	7422	3888	6660	10384	18959	12157	8164	8308	18025	12154
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	1.10E-02	1.49	338	6	6	488817	440263	317229	447996	386882	349875	742672	633203	461276	399653	675835	715472
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	1.10E-02	1.71	209	4	4	77658	53410	122887	119206	97313	158175	187511	161923	190103	115713	232555	186625
AT1G58220.1	Homeodomain-like superfamily protein	1.12E-02	1.59	32	1	1	24269	39421	39180	29085	21293	27470	15013	13222	26293	24618	18227	15988
AT2G40000.1	HSPRO2, ATHSPRO2 - ortholog of sugar beet HS1 PRO-1 2	1.14E-02	7.08	49	1	1	1386	1924	4761	15141	24333	11785	1412	1874	740	1352	1459	1544
AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	1.17E-02	15.83	24	1	1	3479	2867	139	193	233	35	0	0	0	214	225	0
AT3G19770.1;AT3G19770.2	ATVPS9A, VPS9A, VPS9 - Vacuolar sorting protein 9 (VPS9) domain	1.17E-02	1.72	489	9	9	230700	266669	140797	97868	143788	146520	79878	96123	95816	128552	97344	97627
AT1G62180.1	APR2, APSR, PRH43, PRH, ATAPR2 - 5'adenylylphosphosulfate reductase 2	1.18E-02	2.09	427	8	3	24010	26690	40031	58487	72746	95141	121731	88069	103367	59540	145631	142885
AT3G50110.1	ATPEN3, PEN3 - PTEN 3	1.19E-02	4.20	53	2	1	55807	58112	7860	12294	18879	14737	3401	7953	13824	7155	2087	5500
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	1.19E-02	1.76	198	6	4	37586	70212	156614	90435	58413	57008	177168	146299	117739	153909	123792	106626
AT3G12780.1	PGK1 - phosphoglycerate kinase 1	1.20E-02	1.66	1526	26	13	984621	920531	2404966	2060393	2068417	1515305	2914040	3151509	2495406	1937129	3074417	2991158
AT1G61150.1;AT1G61150.3	LisH and RanBPM domains containing protein	1.22E-02	1.38	142	4	4	90570	87862	78024	132016	108504	123980	136143	144821	123867	114176	177997	162834
AT3G14075.1	Mono-/di-acylglycerol lipase, N-terminal;Lipase, class 3	1.23E-02	4.56	66	2	2	204235	230994	34661	38798	41255	64883	21336	8846	33605	53924	10393	6695
AT3G13235.3;AT3G13235.1	ubiquitin family protein	1.24E-02	1.53	149	4	4	177377	131613	133049	168268	97273	130897	246615	258601	142807	158412	253427	224098
AT4G25100.1	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	1.25E-02	1.52	239	3	1	29865	36310	61887	33949	51890	31419	58457	76130	54089	77136	58539	47322
AT5G40430.1	MYB22, AtMYB22 - myb domain protein 22	1.25E-02	2.43	22	1	1	65043	93288	443545	237290	402049	203938	1047152	555746	399098	490494	592309	425462
AT1G32060.1	PRK - phosphoribulokinase	1.25E-02	1.50	2665	39	38	25235606	26463506	50305755	50085808	44221190	37484145	67856893	62062454	48191897	46386249	65268046	60318776
AT5G48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	1.26E-02	1.43	1455	23	23	2055875	2170724	3502536	2937706	3483548	2605233	4449809	4768645	2921796	3605488	4496883	3687442
ATCG00780.1	RPL14 - ribosomal protein L14	1.26E-02	1.43	304	6	6	253943	210817	315701	300795	306943	304315	355987	410861	307692	316291	527428	495258
AT2G27600.1	SKD1, VPS4, ATSKD1 - AAA-type ATPase family protein	1.27E-02	3.01	28	1	1	364	457	3498	2201	2088	602	6360	4384	3684	4274	1644	7418
AT5G58250.1	unknown protein	1.29E-02	1.63	144	2	2	88931	121973	254777	258435	201513	235204	298579	363719	290152	297922	338492	303517
AT5G46210.1	CUL4, ATCUL4 - cullin4	1.30E-02	4.13	46	2	2	531703	469397	75365	92329	96531	125090	36776	56384	61130	69641	50958	61458
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.31E-02	1.33	130	4	4	488992	451039	542057	539725	627673	451891	857900	681102	539899	689196	808397	557110
AT5G53450.1	ORG1 - OBP3-responsive gene 1	1.31E-02	3.00	25	1	1	8961	6723	10986	2312	6801	3727	18199	8498	15392	10494	49942	15836
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.32E-02	1.87	103	3	3	42320	33137	88560	101666	78976	130403	155126	108714	167042	135471	201874	118721
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGSL1 - glutamine synthetase 2	1.32E-02	1.64	2060	27	22	5292971	5351233	11166084	11756605	11688869	11338978	15691712	13465159	14621121	11807504	20167747	16962222
AT3G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	1.34E-02	1.50	1359	21	17	3388154	3083748	5458471	5671931	4569527	4065966	7968031	6240739	5252588	4875232	8587253	6359460
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPR3, MSBP2, MAPR3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	1.34E-02	2.71	62	1	1	811089	810692	261295	321879	191375	258496	102185	131785	221722	273007	128129	122204
AT2G28390.1	SAND family protein	1.34E-02	3.38	60	1	1	43199	31141	11620	6727	9064	19705	2522	2984	5156	12647	8125	4505
AT4G34350.1	CLB6, ISPH, HDR - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	1.35E-02	1.77	274	6	5	67148	53993	90768	107342	86714	83361	232507	138322	88174	114100	187745	106063
AT4G04640.1	ATPC1 - ATPase, F1 complex, gamma subunit protein	1.36E-02	1.63	1790	25	25	2975221	2672666	7332358	5099644	5215239	5724750	9500650	8456129	6459643	6160816	9538515	7202108
AT1G12900.1;AT1G12900.2	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	1.36E-02	1.87	1988	28	5	597821	714842	1528947	1379122	1720009	1505268	3638233	2331058	1881127	1636520	2651394	1750753
AT2G20960.1	pEARLI4 - Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	1.40E-02	2.55	463	12	12	1387890	1278025	521275	320229	508797	498066	279105	181528	455653	431594	206870	214306
AT1G03475.1;AT4G03205.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-I - Coproporphyrinogen III oxidase	1.42E-02	1.42	114	4	4	64977	49460	54689	58197	78614	66560	66518	91243	74748	74758	98022	124546
AT3G47520.1;AT1G53240.1	MDH - malate dehydrogenase	1.42E-02	3.15	399	9	9	191711	197390	178603	319828	218317	324662	525263	402287	418109	304151	2245008	611536
AT5G54270.1	LHCB3, LHCB3*1 - light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3	1.42E-02	1.79	36	1	1	5899	5016	12785	11815	11492	7010	18651	12047	13965	21467	20120	10261
AT2G03140.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.43E-02	2.19	24	1	1	9624	6259	37906	27804	30029	24069	31304	46766	47762	41917	67231	62076
AT2G37540.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.43E-02	1.94	118	2	2	26146	24211	11876	45606	50690	54426	71179	70508	66233	43562	90323	71216
AT5G58870.1	ftsh9 - FTSH protease 9	1.44E-02	1.91	51	1	1	557	658	2081	2044	1476	2270	2720	2310	3204	2462	3471	3194
AT5G04020.1	calmodulin binding	1.45E-02	1.98	39	1	1	37740	45261	35367	18805	20593	28243	6566	10172	21105	15479	24989	15660
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	1.46E-02	1.57	274	6	5	66027	79227	183390	136201	135179	124239	168668	248617	152988	200154	184587	185286
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	1.46E-02	1.55	376	7	7	235454	267654	542744	460537	546478	363180	634502	681001	440535	644240	686330	655145
AT5G15210.1	ATHB30, ZFHD3, HB30, ZHD8 - homeobox protein 30	1.48E-02	6.39	20	1	1	24631	40607	5822	4444	6615	2197	438	1629	6887	2708	969	572
AT1G55490.1;AT5G56500.1	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	1.48E-02	1.62	2753	42	11	581827	534440	1167122	1008654	975215	1180792	1669402	1487463	1154334	1005482	1684237	1843790
AT3G58010.1	PGL34 - plastoglobulin 34kD	1.48E-02	1.48	792	15	14	1579963	1502838	2320911	3294198	2964633	3027422	3886791	4164176	3080165	3280917	3506893	3839349
AT1G29670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.50E-02	1.95	863	12	12	403682	408218	1048704	810498	745212	723665	1670154	1386608	805760	730918	1859864	1625969
AT4G35520.1	MLH3, ATMLH3 - MUTL protein homolog 3	1.54E-02	2.24	21	1	1	15007	13476	32567	50957	69950	108264	75224	110491	137145	81684	143912	100938
AT5G30510.1	RPS1, ARRPS1 - ribosomal protein S1	1.58E-02	1.35	1527	31	31	3725228	3538067	5666277	5299630	4704471	3856142	6240317	6905423	4443150	5464941	6778946	6354774
AT1G01170.1	Protein of unknown function (DUF1138)	1.59E-02	1.66	63	1	1	28356	20921	57011	64555	48823	39733	86782	66566	66151	54190	91514	65068
AT4G26230.1;AT2G19740.1	Ribosomal protein L31e family protein	1.59E-02	2.33	39	1	1	184033	218031	94348	75196	106999	104191	63052	14302	85103	77626	52307	42938

AT1G79060.1	unknown protein	1.60E-02	1.55	20	1	1	43826	45751	104255	60563	58870	44037	73696	104659	68416	83713	109629	112493
AT3G04550.1	unknown protein	1.60E-02	1.54	452	9	9	487195	493025	1065370	1060452	849887	840411	1343725	944792	1122641	1096559	1531709	1346510
AT4G24280.1	cpHsc70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	1.61E-02	1.27	998	23	9	194503	213851	194175	173551	137291	155479	226864	189095	217774	233311	272479	212760
AT1G42440.1	unknown protein	1.62E-02	3.34	126	3	3	635144	611746	126990	133031	214443	147223	63398	73664	137322	176761	62002	47060
AT1G51100.1	unknown protein	1.62E-02	1.38	438	8	8	148475	117406	250260	200249	177660	142702	293045	217817	239292	215733	218294	245975
AT5G16660.1	unknown protein	1.63E-02	1.40	134	3	3	44136	49957	27643	41972	34074	57515	63247	71066	48214	60227	63615	51021
AT1G52360.2;AT1G52360.1	Coatomer, beta' subunit	1.63E-02	2.99	755	17	5	755800	759847	150687	211150	225747	290596	69249	111058	170020	281763	77473	90522
AT4G35300.1	TMT2 - tonoplast monosaccharide transporter2	1.64E-02	1.92	40	1	1	175546	199671	130788	110950	119569	67840	52594	56514	87233	132834	41406	49395
AT5G40770.1;AT5G14300.1	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	1.66E-02	2.07	345	6	5	24945	17554	89354	71626	48983	63397	127715	123435	86292	59676	132391	122968
AT1G21370.1	unknown protein	1.66E-02	1.92	27	1	1	76816	57602	55558	41040	31271	34658	29493	37831	30813	29028	16644	10830
AT1G14410.1	ATWHY1, PTAC1, WHY1 - ssDNA-binding transcriptional regulator	1.67E-02	1.36	399	8	7	456839	432441	700945	692255	667450	638275	838993	924629	690995	646481	959475	812256
AT5G48810.1	ATBS-B, BS #3, ATCBS-D, CBS-D - cytochrome B5 isoform D	1.67E-02	1.69	75	2	2	119749	98629	155175	98018	125069	73518	30698	82115	64455	101638	57324	59626
AT3G18490.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein	1.69E-02	1.44	464	7	7	339382	295367	444264	482454	520511	579946	543612	681250	516374	536767	788124	771790
AT2G34640.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	1.71E-02	2.73	1492	25	25	14955996	13625893	4605547	3312330	4337933	4254687	1964886	2376835	3508887	4599432	1966786	2127865
AT1G32900.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	1.71E-02	1.53	169	2	2	65957	63139	74802	88808	72829	52513	73989	126925	67145	116586	129986	124585
AT4G31160.1	DCAF1 - DDB1-CUL4 associated factor 1	1.73E-02	1.48	61	1	1	14472	26904	31701	28418	23344	21928	13067	14068	18242	16450	20657	16513
AT3G61480.1	Quinoprotein amine dehydrogenase, beta chain-like; RIC1-like guanyl-nucleotide exchange factor	1.74E-02	1.47	33	1	1	16803	13236	32721	24599	26136	29270	38650	38699	29244	36623	31564	34746
AT1G26110.1	DCP5 - decapping 5	1.74E-02	Infinity	104	1	1	35915	31941	137	0	0	573	0	0	0	0	0	0
AT1G23890.2	NHL domain-containing protein	1.81E-02	1.82	25	1	1	4016	3847	7176	8388	7813	6483	6336	13789	6953	13082	14304	14299
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSR4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	1.81E-02	1.48	2056	32	19	2931466	2928141	4650254	4568801	3676747	3548259	7690953	4932589	4016081	4034304	6171380	6196608
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	1.81E-02	1.65	637	14	6	148799	106768	354349	197281	186113	168928	363258	297534	262208	216501	326332	449884
AT3G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	1.81E-02	1.61	3326	48	46	78231151	74649302	170271718	147686640	121774005	100894664	253625353	196092321	136029490	126978177	215810850	189129982
AT4G10340.1	LHCB5 - light harvesting complex of photosystem II 5	1.82E-02	2.18	51	2	2	4029	5174	7462	10253	16513	17833	18890	39759	26807	14360	21168	12556
AT1G80380.4;AT1G80380.1;AT1G80380.2;AT1G(	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.83E-02	1.41	709	14	14	847874	859497	1470647	1231509	1690312	1490849	2104694	1910140	1542013	1497264	1888220	1766193
AT4G24620.1	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	1.84E-02	1.90	173	5	5	16930	10840	17149	17700	39228	58527	50304	49127	51249	29542	66223	57923
AT3G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	1.84E-02	1.89	2059	29	7	898280	905696	2709001	2019584	2220968	2566233	4287485	3509135	2965926	2432023	5616861	2596239
AT1G44910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	1.86E-02	3.12	378	7	7	563638	705787	146915	150340	170024	147324	77196	69157	154792	163490	74650	64636
AT3G22120.1	CWLP - cell wall-plasma membrane linker protein	1.86E-02	2.19	69	1	1	2417	1194	3163	4154	1097	6289	8805	4037	7591	3588	8646	7516
AT3G49240.1	emb1796 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.86E-02	3.38	27	1	1	150480	181096	54818	40289	48525	23195	19792	36863	20199	33113	25089	12601
AT5G58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	1.89E-02	1.35	174	4	4	323985	284690	265813	215233	297666	251462	146383	220734	253823	253384	176525	167061
AT4G38800.1	ATMTN1, ATMTAN1, MTN1, MTAN1 - methylthioadenosine nucleosidase 1	1.90E-02	1.67	50	1	1	24393	28288	39287	43830	39387	77412	84378	61867	66674	42167	91529	76368
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	1.90E-02	1.95	149	3	3	383286	417448	242514	123407	167741	233930	109054	125738	170496	180524	96375	123122
AT1G26560.1	BGLU40 - beta glucosidase 40	1.91E-02	1.52	332	7	7	160966	133879	346105	236722	248241	179884	382213	425832	238125	300099	339450	305224
AT3G44310.1;AT3G44310.2;AT3G44320.1;AT5G(	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	1.92E-02	1.35	2673	31	21	13509059	12849603	20350363	21364611	15751665	18362550	24192660	27741911	17801744	19308102	24410891	24682227
AT4G08870.2;AT4G08870.1	Arginase/deacetylase superfamily protein	1.93E-02	1.42	59	1	1	41746	39035	50486	36446	44959	31393	82517	55111	38410	54231	59364	56178
AT5G61790.1	CNX1, ATCNX1 - calnexin 1	1.93E-02	2.17	1256	22	15	6349883	5588666	3102218	1861733	2464209	2091474	1281127	1311925	2296184	2615048	1361777	1030392
AT2G43750.1;AT3G59760.1	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	1.97E-02	1.72	112	3	1	2906	4323	11997	12704	5250	4079	14196	11659	10373	10993	12412	11493
AT3G01510.1	LSF1 - like SEX4 1	1.98E-02	1.74	120	2	2	13370	14462	11392	9437	6502	15039	22869	22409	16620	10824	31156	18305
AT3G57290.1	EIF3E, TIF3E1, ATEIF3E-1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	1.98E-02	1.28	353	8	8	312391	298060	413613	335616	443151	316985	270758	205559	301425	297206	294873	280844
AT5G03300.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	1.98E-02	3.50	204	6	6	2088693	1793593	559959	323692	604408	329247	301097	181200	483168	321416	211419	129942
AT1G12310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.99E-02	2.38	24	1	1	287	543	3422	1001	2773	505	3184	2403	2324	2604	6430	3384
AT2G40890.1	CYP98A3 - cytochrome P450, family 98, subfamily A, polypeptide 3	2.00E-02	1.57	22	1	1	221425	213162	538965	246378	472012	308700	575166	387651	415790	583510	642434	536780
AT3G26760.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.02E-02	1.78	28	1	1	34984	46420	95788	97449	77074	75659	110606	195925	79205	92077	143537	139999
AT1G27040.1	Major facilitator superfamily protein	2.03E-02	1.94	20	1	1	29538	45933	53331	111925	53650	52335	24702	39558	36140	14897	28580	34653
AT1G20010.1	TUB5 - tubulin beta-5 chain	2.04E-02	1.31	3010	47	8	2178552	2627244	2695817	2207844	2796131	2058098	1519288	1915851	1870218	2690357	1539989	1545320
AT3G01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	2.04E-02	1.70	129	2	1	58964	77206	38629	44810	55747	33290	35488	33470	48086	19295	27700	17851
AT5G59730.1	ATEXO70H7, EXO70H7 - exocyst subunit exo70 family protein H7	2.10E-02	3.52	27	1	1	27540	17062	4131	5285	7003	4255	1137	578	3166	2342	9991	1326
AT2G34620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	2.11E-02	2.90	39	1	1	812	838	8243	7665	7239	9828	26026	14444	10601	8744	20312	20251
ATCG00660.1	RPL20 - ribosomal protein L20	2.11E-02	1.88	87	2	1	23694	11873	25061	13988	10327	9131	7221	9030	9147	13246	5570	5798
AT2G22090.1	UBA1A - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.13E-02	3.32	45	1	1	15838	20987	6480	3320	3840	6965	730	1821	5254	5219	2837	1423
AT3G22425.2;AT4G14910.1	IGPD - imidazoleglycerol-phosphate dehydratase	2.16E-02	1.83	58	1	1	7613	11393	20111	37778	27441	28309	35330	30207	43434	35736	57055	40915
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	2.16E-02	5.04	37	1	1	103495	124849	19068	14226	13332	17631	1284	3315	11030	32734	4319	5428
AT3G53900.2;AT3G53900.1	UPP, PYRR - uracil phosphoribosyltransferase	2.18E-02	1.60	557	12	12	230542	255119	507848	586441	451539	475202	816411	715977	482133	514511	856567	623386
AT3G06850.1	BCE2, LTA1, DIN3 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.20E-02	1.80	303	5	5	65997	53586	104924	188371	96387	117698	212754	212691	119524	111357	245499	224356
AT3G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	2.20E-02	1.40	2007	32	32	4184979	3747532	2764026	2281466	2458326	2585165	2322358	2095651	2420119	2496832	1700937	1814661
AT1G07020.1	unknown protein; Has 39 Blast hits to 39 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 6; Fungi - 3; I	2.21E-02	2.61	60	1	1	50402	30421	14895	8516	10262	15159	7640	7861	8221	8485	11004	6494
AT1G54080.1	UBP1A - oligouridylate-binding protein 1A	2.22E-02	1.51	347	5	1	13754	9655	16908	9201	14590	12096	6996	8929	5401	8429	13513	7203
AT1G72610.1	GLP1, ATGER1, GER1 - germin-like protein 1	2.22E-02	1.49	20	1	1	30475	22756	37534	28262	41137	53175	50401	51475	39862	46926	78024	50624
AT5G48880.2	PKT2, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	2.23E-02	2.48	327	5	1	564	4005	3386	9046	5395	6557	12498	19075	8295	12863	10694	8260
AT3G48050.1;AT3G48060.1	BAH domain ;TFIIS helical bundle-like domain	2.23E-02	1.98	210	6	5	287529	230201	140717	96767	99434	158651	98767	68363	128862	99631	38773	76627
AT1G26910.1	RPL10B - Ribosomal protein L16p/L10e family protein	2.25E-02	1.84	121	2	2	100482	81225	71976	57171	52723	29940	53236	38519	35304	38756	27199	21410
AT1G37130.1	NIA2, B29, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	2.27E-02	2.63	3713	68	65	120146705	109739854	38452363	23292585	34315780	39639307	19405863	16365939	32892864	34489611	19748942	16134373
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	2.27E-02	1.71	61	2	2	23544	26394	34739	55541	57700	38916	51442	42756	74410	51398	88576	96156
AT2G39730.1;AT2G39730.3	RCA - rubisco activase	2.27E-02	2.16	10405	133	3	3253700	3294316	16714465	11605885	8700182	6842271	19088984	11986063	11257429	11679822	29151182	25750572
AT2G36160.1	Ribosomal protein S11 family protein	2.28E-02	1.34	233	4	1	57022	49443	32298	71837	45694	53996	65018	70098	63231	77218	60400	81223
ATG41120.1	unknown protein	2.35E-02	1.77	24	1	1	15207	17603	18615	10317	19431	10327	10561	6285	8854	15715	3540	6446
AT3G48440.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.36E-02	3.83	106	2	2	127872	118212	23619	18395	30071	20623	12136	11966	16821	31605	8890	7100
AT1G72220.1	RING/U-box superfamily protein	2.38E-02	1.80	21	1	1	17557	18174	15982	26058	11963	17291	36034	42868	12796	28905	38579	33706
AT3G52960.1	Thioredoxin superfamily protein	2.39E-02	1.82	318	5	5	48490	42891	181926	146606	156070	117449	234027	251565	146080	175247	245905	207135
AT1G55530.1	RING/U-box superfamily protein	2.39E-02	5.86	48	1	1	19931	27359	3702	5039	4184	6409	0	1557	2950	6859	0	0
AT3G17440.2	NPSN13, ATNPSN13 - novel plant snare 13	2.39E-02	1.82	28	1	1	39495	54269	33085	42326	30989	25101	8762	15661	31677	40938	16665	9777
AT5G50810.1	TIM8 - translocase inner membrane subunit 8	2.43E-02	1.62	118	1	1	9786	11842	30348	18384	17627	38663	39313	36698	28447	29278	39254	32644
AT5G54300.1	Protein of unknown function (DUF761)	2.43E-02	2.52	20	1	1	3114	3123	3644	1576	2706	413	4425	4951	5981	3294	12913	5119
AT4G24840.1	unknown protein	2.44E-02	3.80	22	1	1	1298	1880	991	5024	8253	6534	697	758	2747	1451	357	297
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	2.45E-02	1.35	889	13	12	1448516	1611336	1972343	2877234	1887115	1880127	2987427	3255920	2053814	2252753	2551978	2689345
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	2.45E-02	1.26	393	6	6	1006014	772501	603895	782939	709128	879550	856518	949629	893852	1043449	1255288	1014161
AT2G44210.1;AT2G44210.2	Protein of Unknown Function (DUF239)	2.46E-02	1.69	66	2	2	64611	93273	202133	184100	171655	183864	227190	154179	302345	297929	305667	237090
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.48E-02	2.45	117	4	2	3162	11519	30964	33553	27074	42537	62281	64940	40064	35074	90435	72508
AT5G50840.1	unknown protein	2.49E-02	16.56	70	1	1	28703	22840	156	6860	2267	8327	428	0	35	1817	0	1896
AT1G15340.1	MBD10 - methyl-CPG-binding domain 10	2.49E-02	68.64	21	1	1	43598	35833	2049	781	225	394	0	308	0	440	122	337
AT1G58025.2;AT1G58025.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	2.50E-02	6.51	45	1	1	54115	53418	2048	7401	9254	3632	70	108	8676	10261	559	281
AT1G24460.1	unknown protein	2.53E-02	2.17	249	4	4	910003	977736	326757	304788	366414	412853	170550	161703	440836	381356	215843	146638
AT3G15690.1	Single hybrid motif superfamily protein	2.54E-02	2.21	67	1	1	22943	22468	23113	33964	28175	61754	80092	20697	85878	53493	92521	91882
AT1G52230.1;AT3G16140.1	PSAH2, PSAH-2, PSI-H - photosystem I subunit H2	2.55E-02	1.57	93	2	2	46763	30750	111085	40332	81203	41793	95953	94839	109225	89831	92540	68972
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	2.56E-02	1.47	430	7	7	254663	251341	524792	492805	441493	406032	750811	691751	439859	517965	545939	530483
AT5G45390.1	CLPP4, NCLPP4 - CLP protease P4	2.61E-02	1.60	2266	26	26	3801604	3461927	7666802	9277337	7466105	8890574	13862554	11507082	8927612	7646926	12621498	10293177
AT3G11630.1	Thioredoxin superfamily protein	2.62E-02	1.58	494	8	3	300798	263085	726380	540321	474183	554690	899057	597035	829050	629235	1026302	550225
AT1G56340.1;AT1G56340.2	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	2.63E-02	1.99	2248	34	23	43617310	48686518	24382256	16588035	20560662	14586527	12544335	12545086	16573866	21964807	11643619	9553435
AT2G47850.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.65E-02	3.00	27	1	1	18273	21300	3047	5376	9077	5339	8410	1549	2391	3981	2691	1809
AT1G29400.1;AT3G26120.1	AML5, ML5 - MEI2-like protein 5	2.66E-02	2.00	122	5	4	143824	181454	66039	55916	83736	50879	41402	46225	45446	72216	42285	43715
AT2G34310.1	unknown protein	2.68E-02	2.43	195	3	3	310801	346592	96232	110380	88862	98753	71784	66295	91769	109726	50770	41727
AT3G51110.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.68E-02	5.89	31	1	1	6869	4983	9971	3250	6467	4327	76417	39614	7271	5513	72325	10015
AT1G03350.1	BSD domain-containing protein	2.72E-02	2.01	455	9	8	887330	922361	344488	295065	416885	377494	237968	215449	437144	351923	204615	166524
AT3G03710.1	RIF10, PNP - polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	2.73E-02	1.44	144	4	4	50246	28721	37434	34167	35038	23966	68150	40410	50187	51289	34742	56237
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	2.74E-02	2.55	1224	19	18	5568331	5330760	1150510	1234807	2331863	1989030	1024135	926140	1335257	1591307	1107078	919732

AT5G54810.1	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	2.74E-02	1.43	666	12	4	444919	576096	855094	642698	656086	401781	340514	405906	372384	395530	512243	481402
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	2.76E-02	1.25	3638	57	4	966009	902135	839722	748330	1002065	1116642	679358	604628	916478	875875	687144	700308
AT1G03680.1	ATHM1, TRX-M1, ATM1, THM1 - thioredoxin M-type 1	2.77E-02	1.27	169	3	3	167452	107778	143701	122824	167232	162542	163415	150115	215377	198624	206180	173706
AT3G56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	2.77E-02	1.41	150	4	4	59544	60698	120031	86915	128461	105142	146416	144523	120702	120977	151069	107089
AT1G08490.1	ATSUFS, SUFS, ATCPNIFS, ATNFS2, CPNIFS - chloroplastic NIFS-like cysteine desulfurase	2.78E-02	2.81	28	1	1	1225	380	5233	3073	3544	893	5439	4871	4920	2604	16235	6268
AT5G66190.1;AT5G66190.2	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	2.80E-02	1.19	935	15	14	877907	1001162	984131	1018150	845749	682298	1013899	1124829	1149963	1162045	1031933	952373
AT5G17910.1	unknown protein	2.80E-02	3.02	569	12	11	1771327	1697753	321422	386872	480092	456011	146305	182711	456500	486704	227080	194247
AT5G08590.1	ASK2, SNRK2-1, SNRK2.1, SRK2G - SNF1-related protein kinase 2.1	2.80E-02	2.17	373	5	4	518322	468423	181393	145663	209157	196392	105433	115686	166698	254858	83096	66510
AT1G17110.1	UBP15 - ubiquitin-specific protease 15	2.81E-02	3.92	22	1	1	38731	40988	9623	6306	6390	7606	6067	1318	7826	1450	8284	3049
AT5G39240.1	unknown protein	2.81E-02	8.42	21	1	1	6540	8531	455	1448	1093	235	0	204	1686	238	46	0
AT3G63490.1;AT3G63490.2	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.85E-02	1.52	244	4	4	236266	253135	402863	402449	314203	280520	670452	558043	277201	380411	502983	482686
AT5G25070.1	unknown protein	2.85E-02	1.30	489	7	5	404447	520194	477117	353314	437536	301127	343052	251415	302920	339822	372597	308266
AT1G71270.1	POK, TTD8, ATVPS52 - Vps52 / Sac2 family	2.85E-02	2.13	379	5	5	812521	857747	378739	234262	423914	311000	116907	177440	336520	426995	183817	177084
AT2G28000.1;AT5G18820.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	2.86E-02	1.43	3484	47	45	9344888	8949899	17424658	14963006	12050488	9296671	19184746	19222271	12079309	13687075	20795019	17767597
AT1G19740.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	2.88E-02	1.90	110	2	2	32887	37287	66314	168254	146180	157347	166088	209970	185034	121682	261091	213268
AT3G01260.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein	2.88E-02	1.55	22	1	1	209972	156356	407621	281321	519799	422049	636569	574941	562743	418287	471899	438095
AT5G49360.1	BXL1, ATBXL1 - beta-xylosidase 1	2.90E-02	1.55	229	5	4	46267	45466	59631	72620	77029	73940	136984	98369	78458	66702	67723	131239
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	2.93E-02	2.09	497	7	7	885050	902169	239457	320466	455453	347917	233941	166393	379543	284571	247389	194154
AT3G52880.2	ATMDAR1, MDAR1 - monodehydroascorbate reductase 1	2.94E-02	2.09	159	2	2	14710	10300	55765	59943	50377	51938	92420	94150	83746	41401	75396	121828
AT5G16715.1	EMB2247 - ATP binding;valine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-t	2.94E-02	1.64	62	2	2	44736	77164	25773	39492	40829	29786	32120	28529	31590	20151	21915	23048
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	2.95E-02	1.43	318	5	5	316144	316122	535423	551548	528007	446009	452554	692193	536030	584948	867217	714539
AT1G69030.1	BSD domain-containing protein	2.96E-02	2.43	33	1	1	41547	36254	30569	13054	27062	8424	8100	8172	15340	22800	4548	5563
AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	2.96E-02	2.41	808	15	14	3817173	3809858	1211137	936757	1116007	1320997	536076	707735	1177107	1337926	655101	657586
ATCG01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster binding	2.99E-02	1.27	239	4	4	667709	597088	386764	556832	506120	602921	658172	733632	536615	764343	769326	746570
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	3.04E-02	2.00	87	3	3	7244	5277	53019	33946	41197	19335	69346	50406	43547	56000	47379	53329
AT5G62790.2;AT5G62790.1	DXR - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	3.08E-02	3.77	62	2	2	648121	676719	164339	90169	213536	81938	45435	77059	114227	185670	40929	33427
AT1G58080.1	ATATP-PRT1, HISN1A, ATP-PRT1 - ATP phosphoribosyl transferase 1	3.09E-02	1.69	86	2	1	17961	15203	15858	62745	19048	27211	51160	32909	37558	29011	58484	58361
AT2G34470.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	3.10E-02	1.60	61	2	2	19345	27160	30308	58452	48949	65552	51212	65014	66940	50765	82381	82838
AT5G56110.1	AtMYB103, ATMYB80, MYB103, MS188 - myb domain protein 103	3.13E-02	1.55	21	1	1	8429	8681	13734	16029	14667	15607	12453	10770	7035	8039	5415	6174
AT3G04610.1	FLK - RNA-binding KH domain-containing protein	3.14E-02	1.85	65	2	1	75604	78418	57960	40777	54359	24204	18648	21883	35720	57687	24981	20500
AT4G37120.1;AT1G65660.1	SMP2 - Pre-mRNA splicing Prp18-interacting factor	3.16E-02	2.90	69	2	2	34778	52786	25429	12619	10863	10881	1506	4211	13617	11298	13446	6663
AT3G06730.1	TRX P, TRX z - Thioredoxin z	3.19E-02	1.21	104	3	3	66685	67120	83981	72675	73832	58140	69396	55761	53069	67361	55971	47838
AT3G15040.1	Protein of unknown function, DUF584	3.20E-02	2.82	33	1	1	83323	90117	24491	29174	16107	26894	4387	4424	30868	37946	10272	7851
AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	3.22E-02	2.63	444	8	8	2789953	2664576	841813	633396	731649	652810	373694	422218	764124	863083	383454	348873
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	3.22E-02	1.23	1535	26	25	900768	741792	910195	1107763	1132836	1187266	1268756	1396568	1002914	1157959	1270405	1267953
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	3.27E-02	1.40	202	5	5	137641	113058	200014	124266	172746	139170	189803	130980	191178	222440	270809	240669
AT1G33680.1;AT4G10070.1	KH domain-containing protein	3.30E-02	3.12	251	6	5	836562	906366	151029	212192	225985	174378	81309	62406	248469	220924	106805	82509
AT1G80910.1	Protein of unknown function (DUF1712)	3.31E-02	1.85	24	1	1	31428	15055	29592	24635	21682	32502	70723	64621	29394	36887	22790	62383
AT5G59540.1;AT5G43440.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	3.32E-02	3.96	53	2	1	928	2413	3609	8736	10035	12615	2091	878	3314	571	1838	997
AT1G29700.1	Metallo-hydrolase/oxidoreductase superfamily protein	3.34E-02	1.85	131	3	3	29450	28387	41118	110440	111644	121642	173701	112653	109824	85377	175324	160141
AT2G46510.1	ATAIB, AIB - ABA-inducible BHLH-type transcription factor	3.36E-02	1.73	26	1	1	15136	20295	6433	9876	8659	9690	14132	25705	10756	20752	19715	29956
AT3G44110.1;AT3G44110.2	ATJ3, ATJ - DNAJ homologue 3	3.36E-02	1.50	962	18	13	3690829	3844950	3107480	1739672	3294130	2680821	1328220	1768042	2654835	2838940	1922464	1692063
AT1G13960.1	WRKY4 - WRKY DNA-binding protein 4	3.37E-02	3.61	115	3	3	128364	140990	28470	23342	20627	28708	18225	15093	19648	29812	5011	14705
AT3G60830.1	ATARP7, ARP7 - actin-related protein 7	3.37E-02	1.71	72	2	2	12311	13088	16926	16003	21552	14554	2652	6837	11379	13307	11675	9471
AT2G35780.1	scpl26 - serine carboxypeptidase-like 26	3.38E-02	1.65	164	4	4	31288	32248	70365	78602	70350	68233	100727	99549	64154	73184	156733	86093
AT3G27050.1	unknown protein; Has 43 Blast hits to 43 proteins in 17 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	3.39E-02	1.41	213	5	4	138365	162032	249898	242386	232963	151971	355809	319855	197961	281117	290820	214501
AT1G32220.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.39E-02	1.55	581	9	8	575459	613895	1721141	1601704	1510385	1283047	1995455	2229317	1570433	1495893	2031068	2035049
AT3G58110.1;AT3G58110.2	unknown protein	3.40E-02	1.27	474	11	11	494159	584544	570248	464750	407585	410079	865191	601708	528580	598246	566514	563958
AT4G15790.1	unknown protein	3.42E-02	8.70	86	1	1	18979	13297	3661	2097	2314	5019	0	375	2154	1982	224	482
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	3.43E-02	1.35	656	13	11	586921	665891	1029268	987745	844166	638458	1426371	1020042	788840	987045	1057075	1124493
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	3.43E-02	2.03	1528	23	1	17943	5861	11675	7153	5948	5745	36906	14577	17609	9097	21835	10341
AT4G24930.1	thylakoid lumenal 17.9 kDa protein, chloroplast	3.44E-02	1.32	695	11	11	1338447	1338788	2724561	1708116	2225006	1878179	2679561	2319552	2068318	2781324	2632973	2291439
AT1G09630.1	ATRAB11C, ATRABA2A, ATRAB-A2A, RAB-A2A, RAB11c - RAB GTPase 11C	3.44E-02	1.70	186	4	1	64845	58421	129880	132098	144776	135933	72066	38750	72424	51235	81800	74716
AT2G05070.1	LHCB2.2, LHCB2 - photosystem II light harvesting complex gene 2.2	3.45E-02	2.08	165	3	1	30868	9332	36961	48047	26781	46435	127748	39416	45986	44799	89986	65016
AT5G51195.1	unknown protein	3.45E-02	2.17	22	1	1	173918	294229	188612	233759	130977	65440	31697	91051	155007	142139	39570	40300
AT1G73110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.46E-02	1.80	555	11	10	194337	231594	741917	713889	667816	531249	1083206	933133	631114	571831	1231752	1085988
AT1G04780.1	Ankyrin repeat family protein	3.48E-02	1.86	50	2	2	61658	50682	29483	21812	26146	17145	21754	20377	17424	22624	15489	13811
AT1G62740.1	Hop2 - stress-inducible protein, putative	3.49E-02	10.32	46	2	1	279888	313673	10666	34754	9165	29153	1919	9368	21700	26340	2539	3751
AT1G20950.1	Phosphofructokinase family protein	3.49E-02	1.25	341	7	5	134286	108837	160401	165057	191055	157096	121621	140594	121976	113551	114287	122908
AT2G38060.1	PHT4;2 - phosphate transporter 4;2	3.51E-02	6.45	22	1	1	0	202	0	1611	579	1382	3582	3668	5452	9246	1431	961
AT3G55020.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	3.51E-02	2.00	289	7	5	410455	411111	159903	146850	220868	128636	94150	92700	180407	199912	79888	93192
AT3G56060.1	Glucose-methanol-choline (GMC) oxidoreductase family protein	3.52E-02	4.05	69	1	1	5758	3784	1172	4649	1037	2102	149	454	3135	600	2	224
AT3G58500.1;AT2G42500.1	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	3.52E-02	1.31	289	7	5	761029	785826	1143194	701889	890500	640226	851153	636033	588678	607862	553782	518845
AT3G14067.1	Subtilase family protein	3.55E-02	1.21	534	8	8	812442	831271	904832	538334	770262	652810	836998	1007452	883034	992506	850188	895948
AT5G64160.1	unknown protein	3.59E-02	3.07	189	4	4	457991	421061	108639	81337	89389	107625	24506	50600	123282	141257	31206	42038
AT1G26470.1	unknown protein	3.59E-02	2.80	28	1	1	12196	19252	3553	5082	5218	2854	753	1890	8210	3506	1666	1198
AT5G10470.2;AT5G10470.1	KAC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	3.59E-02	1.21	1581	32	26	967089	992556	1393978	1181355	1359317	1176069	1693927	1529963	1230616	1416254	1413582	1254703
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GST6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	3.60E-02	1.41	577	8	8	552558	501790	1036285	1152119	955741	969457	1365703	1386250	1012653	1000368	1423312	1121276
AT1G66410.1;AT1G66410.2;AT2G27030.1;AT2G	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	3.60E-02	1.90	796	10	5	6406152	6933428	2402081	2525438	3188946	2667133	1538342	1656455	3670556	2751451	1593730	1486523
AT1G70320.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	3.62E-02	1.85	1396	20	10	3263876	3782781	1268170	1333465	1870486	1566334	839613	944190	1913227	1548009	994566	847558
AT5G38600.1	Proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein / zinc knuckle (CCHC-type) family protein	3.63E-02	1.69	106	3	3	52814	54739	17413	41366	30839	38246	28569	21214	32930	20369	18898	17549
AT4G37060.2	PLP5 - PATATIN-like protein 5	3.64E-02	1.33	24	1	1	17230	10811	8939	11681	15083	12671	21012	19618	18279	14834	14078	13766
AT4G27260.1	GH3.5, WES1 - Auxin-responsive GH3 family protein	3.64E-02	39.14	49	2	1	22	161	151	0	3	661	426	367	331	225	37269	446
AT2G01210.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	3.65E-02	1.86	22	1	1	1314296	800217	460503	388985	382695	474095	292525	464448	266728	416464	318937	298382
AT3G29690.1	HXXXD-type acyl-transferase family protein	3.65E-02	1.39	23	1	1	11073	6412	4728	10302	5670	8077	10808	12075	8689	9000	11000	12616
AT4G11150.1;AT1G64200.1;AT3G08560.1	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	3.65E-02	1.13	695	13	12	848286	718861	974055	824746	810351	823539	1058829	907955	922613	910031	851175	988532
AT1G79150.1	binding	3.68E-02	1.67	53	2	1	104398	109085	196165	376417	371164	237223	350426	421871	291527	287381	556379	414685
AT4G24230.1	ACBP3 - acyl-CoA-binding domain 3	3.71E-02	1.72	87	2	2	60250	57647	35835	21228	44834	31154	21446	43160	12756	20149	24233	23955
AT5G59305.1	unknown protein	3.76E-02	3.64	22	1	1	586	358	7952	7067	5212	5479	15948	33639	5191	4092	20095	17969
AT1G73750.1	Uncharacterised conserved protein UCP031088, alpha/beta hydrolase	3.76E-02	1.94	36	1	1	5552	6200	18980	26112	18358	26976	46162	28228	24196	17875	46263	35777
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	3.76E-02	1.69	137	4	4	131145	111729	72077	43921	63116	68606	35853	40395	64654	74047	32764	42583
AT5G09660.1;AT5G09660.3	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	3.77E-02	1.31	2086	29	26	23740775	24463097	46339101	45832647	36725041	32690868	50730734	47881625	42644568	39578937	46250271	47084690
AT1G55510.1	BCDH BETA1 - branched-chain alpha-keto acid decarboxylase E1 beta subunit	3.78E-02	1.28	22	1	1	166343	126934	117430	157457	133361	137772	129608	132677	79549	118638	115437	80980
AT3G42170.1	BED zinc finger ;hAT family dimerisation domain	3.78E-02	1.28	926	17	17	950404	929316	1397320	1116237	1491104	1415865	824288	833995	1036289	1059446	1039099	905921
AT5G19940.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	3.82E-02	1.40	203	3	3	79605	60258	136047	112999	91997	119597	146040	156094	117286	99383	175230	146334
AT1G12430.1	PAK, ARK3 - armadillo repeat kinesin 3	3.83E-02	1.78	41	1	1	12584	1700	3823	8445	4081	6573	10473	17887	8195	9427	10605	9813
AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	3.83E-02	2.48	534	6	5	658633	732724	171361	195862	165925	260261	79099	111143	240395	243799	98199	109191
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	3.84E-02	2.17	411	8	8	1534973	1611178	506737	380990	663772	571028	364423	333052	534809	616301	316356	267340
AT1G30860.1	RING/U-box superfamily protein	3.89E-02	1.92	27	1	1	10226	11535	8125	7697	8346	6289	962	2389	9093	11415	671	2728
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.89E-02	2.12	154	3	3	397980	352004	145841	93506	116943	187906	86105	89612	150148	130388	61076	91784
AT5G08690.1	ATP synthase alpha/beta family protein	3.90E-02	3.13	2203	25	1	111052	109063	13812	45162	21088	35927	4953	9237	32732	41511	7139	11959
AT3G27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	3.96E-02	1.91	196	4	4	51903	59231	372346	282152	218393	136907	235282	406926	244253	302054	510901	442583
AT5G47690.2	binding	3.97E-02	2.66	373	8	7	830114	709018	210334	154303	186720	215810	131221	86461	226551	229831	99398	92056
AT2G39010.1	PIP2E, PIP2;6 - plasma membrane intrinsic protein 2E	3.99E-02	1.94	87	2	1	5308	1816	6564	2839	3537	6959	7360	9120	6137	4472	17602	7757
AT5G52070.1	Agenet domain-containing protein	4.02E-02	2.76	26	1	1	3684	2865	18280	8537	16256	5142	2994	2770	4959	5191	1561	2332

AT3G23920.1	BAM1, BMY7, TR-BAMY - beta-amylase 1	4.04E-02	1.48	282	6	5	81508	75802	85132	91890	122312	133500	197347	103655	136310	115018	210111	108305
AT1G52400.1	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	4.05E-02	1.44	182	4	4	237628	239082	191427	163259	131567	111914	161143	117078	115006	138263	112241	101887
AT2G24020.1;AT2G24020.2	Uncharacterised BCR, YbaB family COG0718	4.05E-02	1.33	270	5	4	207145	192168	391154	226615	331963	295994	321176	439724	290459	358356	376176	397286
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	4.07E-02	2.01	2054	32	31	20150853	19741680	6605591	7013189	7794982	6374738	4377406	4517529	7251907	8605739	4877008	4039740
AT2G36530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	4.09E-02	1.42	158	3	3	41343	42583	78246	96939	92415	83724	95671	117990	88016	101625	126508	88153
AT2G14720.1;AT2G14740.1	VSR4, VSR2;1, BP80-2;1, MTV4 - vacuolar sorting receptor 4	4.10E-02	1.27	151	4	3	203427	181970	318955	211604	222012	214747	153381	165444	206521	216234	158479	168132
AT5G21160.1;AT5G21160.2	LA RNA-binding protein	4.12E-02	2.29	680	6	6	1018965	893659	290085	239784	237769	404144	207574	196963	280654	311550	152209	197995
AT1G64790.1;AT1G64790.2	ILA - ILITYHIA	4.12E-02	1.33	572	11	10	208858	173286	105044	161951	157994	144273	114509	122043	154448	110061	125400	90760
AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein	4.12E-02	1.59	158	3	3	34009	29267	40117	73558	49251	103785	114708	50105	81960	87739	93313	96045
AT5G45900.1	APG7, ATAPG7, ATG7, ATATG7 - ThiF family protein	4.14E-02	4.21	76	1	1	34816	35472	2047	12414	7544	7360	1111	2574	9758	2871	3782	3561
AT4G36730.2;AT4G36730.1	GBF1 - G-box binding factor 1	4.15E-02	2.41	312	5	4	584672	584195	166668	144989	149060	183531	78132	99625	151029	227606	115459	80100
AT1G06210.1	ENTH/VHS/GAT family protein	4.15E-02	2.25	25	1	1	220459	199939	116442	52710	53711	86724	52906	37436	92015	80010	28854	33645
AT3G09800.1	SNARE-like superfamily protein	4.18E-02	1.46	29	1	1	48790	68179	47227	27258	37384	32539	28665	30224	22525	31779	35276	30387
AT1G72300.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	4.20E-02	1.98	24	1	1	1303	575	3288	9271	3230	11197	10485	8356	14264	8477	6881	8633
AT1G14030.1	Rubisco methyltransferase family protein	4.21E-02	2.06	269	4	4	6474	9340	41126	61972	86239	124191	134778	117381	106464	72222	127806	121405
AT3G55280.1;AT3G55280.3	RPL23AB - ribosomal protein L23AB	4.22E-02	2.42	1307	21	21	45160034	37360863	15571537	12421112	9752902	9777997	8513614	7973021	13329305	12951047	4818193	6251920
AT2G40290.1;AT2G40290.2	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	4.22E-02	2.03	292	4	4	533107	770040	160688	313229	274928	255824	187653	134611	303720	239878	136310	136320
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	4.23E-02	2.70	2158	32	21	23863582	23917631	7034514	4651140	6793492	4962878	2965081	3204393	7000427	7487633	3033029	2702315
AT5G51820.1	PGM, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	4.23E-02	2.01	62	2	2	1278	1133	5719	3202	6185	1889	2889	5539	6850	9011	4423	10365
AT1G10510.1	emb2004 - RNI-like superfamily protein	4.23E-02	2.21	49	1	1	2039	3219	3183	16352	17180	41777	53657	13871	22789	20538	46392	27646
AT1G73080.1	PEPR1, ATPEPR1 - PEP1 receptor 1	4.26E-02	2.44	22	1	1	1123152	1233935	296141	304272	505120	298295	100472	181255	341148	550679	156378	209227
AT1G23860.1;AT1G23860.4	SRZ-21, SRZ21, RSZP21, RSZ21, At-RSZ21 - RS-containing zinc finger protein 21	4.27E-02	3.95	37	1	1	16687	39560	9044	2613	9401	3545	2125	3848	5063	3432	1352	4661
AT2G47220.1	DUF5, ATDUF5 - DOMAIN OF UNKNOWN FUNCTION 724 5	4.29E-02	12.35	29	1	1	35959	32065	2028	949	1420	1053	114	0	1120	4091	0	625
AT1G69960.1	PP2A - serine/threonine protein phosphatase 2A	4.33E-02	1.47	170	4	1	23701	16882	28382	24271	16271	18866	7880	9453	12924	21500	17309	18033
AT1G79340.1;AT1G79330.1	AtMC4, MC4 - metacaspase 4	4.35E-02	1.68	305	5	5	653376	729271	325502	303279	290255	398978	252820	196050	371867	392511	224757	169191
AT1G18450.1;AT1G73910.1	ATARP4, ARP4 - actin-related protein 4	4.35E-02	1.39	122	2	2	75960	73601	47225	49195	51580	40059	40772	30033	49321	53781	36033	32457
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	4.35E-02	1.76	247	4	4	521614	513975	213089	213141	256335	203927	154909	136510	230886	290768	120627	157583
AT4G27500.1	PPI1 - proton pump interactor 1	4.35E-02	2.05	35	1	1	58814	35106	13663	22519	14731	22857	10783	7173	15183	8412	25813	14428
AT1G73430.1	sec34-like family protein	4.38E-02	1.47	79	2	2	14419	11011	20998	18751	28566	16300	11239	13698	13961	9577	10718	15664
AT4G35000.1	APX3 - ascorbate peroxidase 3	4.38E-02	1.31	372	9	9	125150	154161	196193	208934	240448	272758	258014	245116	275514	243346	327966	223122
AT1G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	4.40E-02	1.90	107	2	2	7838	4410	19156	27417	32422	48341	55915	48794	43679	24741	43176	49373
AT2G20530.1	ATPHB6, PHB6 - prohibitin 6	4.41E-02	2.90	155	3	1	61	137	1985	2628	3426	5140	6631	3326	5432	3425	11249	8665
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	4.44E-02	1.25	222	5	4	146424	133180	150868	110860	159597	137260	102466	81152	138055	143249	105416	101890
AT4G12770.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	4.45E-02	4.44	359	6	2	909563	925940	165488	80890	155840	106236	83771	62870	113755	187069	38350	42256
AT3G10670.1	ATNAP7, NAP7 - non-intrinsic ABC protein 7	4.46E-02	1.82	76	2	2	3106	3934	13982	17274	8377	19159	18719	21823	17231	11742	29410	21100
AT4G33700.1	CBS domain-containing protein with a domain of unknown function (DUF21)	4.46E-02	2.31	23	1	1	2396	2373	3198	13589	14999	24565	8756	27187	15506	48746	19289	21879
AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	4.50E-02	1.95	301	6	6	2329227	2071627	869014	607304	951464	1031011	426856	506402	1025047	1111919	462670	491108
AT5G49650.1	XK-2, XK2 - xylulose kinase-2	4.50E-02	1.51	26	1	1	151175	130702	48035	120938	44941	93386	176133	156417	118436	136618	140476	161108
AT5G58030.1	Transport protein particle (TRAPP) component	4.51E-02	1.76	50	1	1	1142	630	3498	907	9158	22929	9017	13043	11402	6987	15164	11673
AT2G38280.1	FAC1, ATAMPD - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	4.51E-02	2.82	177	4	4	373693	350890	75140	61004	94805	107332	35191	30018	112480	114872	46224	38028
AT2G45960.1;AT1G01620.1	PIP1B, TMP-A, ATPH2, PIP1;2 - plasma membrane intrinsic protein 1B	4.52E-02	1.52	177	2	1	156457	118871	342790	227797	262594	269401	412442	408730	206421	283827	376743	412825
AT1G19570.1;AT1G19570.2	DHAR1, ATDHAR1, DHAR5 - dehydroascorbate reductase	4.55E-02	1.76	26	1	1	1365	1994	9550	6998	4193	2149	4584	6065	9328	7077	10230	8953
AT1G79830.4;AT1G79830.1	GC5 - golgin candidate 5	4.55E-02	1.53	579	12	12	1039617	990015	509579	489609	503441	508849	476683	436237	504902	517331	389641	319357
AT3G12800.1;AT2G07640.1	SDRB, DECR - short-chain dehydrogenase-reductase B	4.56E-02	1.61	107	3	3	44074	28437	70995	54591	33797	41413	43052	36775	13149	25884	21153	29778
AT3G47390.2;AT3G47390.1	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	4.60E-02	1.29	350	7	7	167847	177667	196015	142858	255759	221993	113549	160520	172090	173511	143449	141052
AT4G15802.1	HSBP, AtHSBP - heat shock factor binding protein	4.60E-02	1.76	339	6	6	1957377	1952588	797856	793201	1036738	929677	559568	352000	1256194	937808	576599	563745
AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	4.63E-02	2.69	44	1	1	26217	25655	5402	5400	5995	9692	4221	7298	5761	6225	1927	3681
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	4.63E-02	1.43	661	13	9	276675	188941	476475	524646	473612	424570	566947	637272	414065	492557	647013	634730
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	4.64E-02	1.29	818	10	10	2579644	2816629	5358796	4779640	4278072	3448241	5631422	4731977	4374626	4832151	5455797	4975278
AT1G74880.1	NDH-O - NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex subunit O	4.66E-02	1.65	74	2	2	94577	92955	344047	195727	178914	217202	384940	260839	283215	205754	485487	230433
AT4G25450.1;AT4G25450.3	ATNAP8, NAP8 - non-intrinsic ABC protein 8	4.67E-02	1.62	83	1	1	14183	9493	13499	30020	25274	27328	29531	45407	23399	20181	41965	33058
AT5G41550.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	4.67E-02	702.17	25	1	1	0	13	0	0	0	0	0	55	172	78	9007	0
AT2G34357.1	ARM repeat superfamily protein	4.71E-02	16.65	99	1	1	77551	73057	8579	427	4835	9408	0	29	6020	1314	712	2367
AT4G31480.1;AT4G31490.1	Coatomer, beta subunit	4.71E-02	1.57	877	16	15	646757	594309	1372825	1031572	1414382	1331857	735604	849997	670284	756334	488597	579947
AT3G61430.1	PIP1A, ATPIP1, PIP1, PIP1;1 - plasma membrane intrinsic protein 1A	4.77E-02	1.88	190	2	1	13465	21410	66974	46456	44246	62316	96066	95983	32106	69395	102115	84421
AT3G04750.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.79E-02	1.86	22	1	1	78349	83887	83964	203378	98209	112687	189357	249790	85180	118173	336040	247365
AT5G35390.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	4.79E-02	1.99	23	1	1	2181	6379	4041	3499	940	4018	11686	3169	8093	6802	7855	4232
AT5G03940.1	FFC, 54CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	4.80E-02	1.47	295	7	7	87072	105196	257361	206185	170234	169300	246302	226570	255135	156181	304142	278144
AT5G57490.1	VDAC4, ATVDAC4 - voltage dependent anion channel 4	4.84E-02	2.70	25	1	1	78	73	3459	1156	997	21	3824	2187	1317	459	3929	3923
AT2G37270.1	ATRPS5B, RPS5B - ribosomal protein 5B	4.85E-02	1.55	488	6	2	87674	39769	99067	87153	82274	120362	162396	151114	112223	71949	161271	139633
AT4G23420.3	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.92E-02	3.98	22	1	1	604904	529233	106020	82019	79564	63261	32279	33854	89584	107393	55828	48846
AT5G25265.1	unknown protein	4.92E-02	9.62	24	1	1	0	146	119	161	830	1779	2413	1205	18545	796	352	5882
AT3G16940.1	calmodulin binding;transcription regulators	4.92E-02	3.80	21	1	1	996	580	5711	9210	2491	1629	379	2048	1935	368	272	426
AT5G65840.1	Thioredoxin superfamily protein	4.93E-02	1.93	145	2	2	8297	10517	47245	41195	35323	28925	94943	72114	33600	34279	47560	47968
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	4.93E-02	1.26	415	7	7	324836	315431	274968	277474	287532	415774	465186	281915	394419	362411	478756	403248
AT2G18147	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	4.96E-02	1.88	248	4	2	85304	77275	42294	43675	61807	28446	11533	8018	53130	70412	20633	16547
AT5G51120.1;AT5G51120.2;AT5G51120.3	PABN1, ATPABN1 - polyadenylate-binding protein 1	4.97E-02	1.84	588	7	6	4094262	3706519	1657145	1255442	1571638	1715432	898239	769938	1623824	1975098	1289385	1066702
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	5.01E-02	1.80	487	8	5	639540	712524	293578	256200	263605	264279	139787	149650	282439	326570	242538	206664
AT3G19910.1	RING/U-box superfamily protein	5.02E-02	2.65	106	1	1	64090	105101	30258	23330	23076	16339	3851	15621	13557	23589	16674	25774
AT3G48500.1	PDE312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	5.04E-02	2.29	922	13	13	3907977	4138876	1683014	1018687	1643016	840283	808979	750748	1508705	1578120	628240	511899
AT4G22570.1;AT4G12440.1	APT3 - adenine phosphoribosyl transferase 3	5.06E-02	2.10	65	2	1	316	449	7758	4162	3849	5111	8304	9798	4915	7415	7846	7186
AT4G30530.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	5.07E-02	1.95	140	3	3	107674	60970	116923	223564	257466	211095	122957	68286	57849	45684	97966	107460
AT1G26630.2	FBR12, ATELF5A-2, ELF5A-2 - Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	5.08E-02	1.45	51	1	1	9026	6399	7852	5733	8465	8825	5689	4399	8085	5681	2290	5844
AT1G74150.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	5.09E-02	5.02	26	1	1	14195	28212	3127	8238	2451	1033	5032	1369	1198	1316	1867	633
AT3G23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	5.11E-02	1.96	53	1	1	2298	1412	6808	6293	12181	7080	13568	8183	15001	5088	15249	13623
AT5G46760.1	Basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding family protein	5.15E-02	2.34	102	2	2	35966	33020	14099	6441	8501	12907	6354	5593	10202	10976	7605	6734
AT3G15970.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	5.17E-02	2.21	23	1	1	82164	73286	18907	22332	25916	27090	11908	13942	32794	29845	13712	10606
AT1G12920.1	ERF1-2 - eukaryotic release factor 1-2	5.19E-02	3.04	130	3	1	35673	28870	3970	8503	12385	7547	713	3373	10278	11145	3176	3180
AT3G19820.1	DWF1, DIM, EVE1, DIM1, CBB1 - cell elongation protein / DWARF1 / DIMINUTO (DIM)	5.20E-02	1.25	50	2	2	66600	57919	63200	72322	53752	84665	64141	63025	46843	47956	39350	57559
AT1G23310.1;AT1G23310.2	GGT1, AOAT1, GGAT1 - glutamate:glyoxylate aminotransferase	5.22E-02	1.38	801	13	7	174790	182853	444755	365773	328764	331023	412863	396938	353429	365437	495967	495582
AT4G10750.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	5.23E-02	2.95	133	2	2	172840	160439	40994	36602	32997	25453	17726	18486	39384	51920	16792	14803
AT3G25770.1;AT1G13280.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	5.23E-02	1.30	225	5	3	298520	319275	381771	264932	285567	292342	592977	439259	319798	381575	334278	325290
AT4G14880.1	OASA1, OLD3, CYTACS1 - O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A1	5.26E-02	1.40	283	8	6	127501	77369	160896	176297	141885	108840	163327	253452	129456	166740	170870	222906
AT1G74690.1	IQD31 - IQ-domain 31	5.27E-02	2.12	145	1	1	684958	627245	273012	189634	259585	408521	157695	157473	361715	250221	37379	187172
AT5G52520.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	5.28E-02	1.42	1190	20	20	462902	447969	1263872	1034130	1137460	975755	1367199	1270089	1167006	1171998	1502075	1098438
AT1G04860.1	UBP2, ATUBP2 - ubiquitin-specific protease 2	5.33E-02	4.51	183	2	1	85181	52865	4650	7197	13392	23461	3713	536	10102	17481	7498	2066
AT3G53870.1	Ribosomal protein S3 family protein	5.34E-02	1.37	271	5	1	15169	26877	19524	26714	18883	17809	36097	32423	18042	24622	34798	25817
AT1G71720.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	5.36E-02	1.82	103	2	2	19244	6984	23380	50772	30245	28272	63522	52614	30387	24942	52798	64505
AT2G26570.1;AT4G33390.1	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	5.43E-02	1.60	1179	24	23	1477732	1400846	775233	568696	778490	770833	490858	496361	914184	851282	376829	480209
AT1G28200.1	FIP1 - FH interacting protein 1	5.43E-02	1.53	80	2	2	171141	181555	157483	105139	140161	75301	49442	99122	99495	117975	108799	69467
AT5G17101	ENTH/VHS family protein	5.44E-02	1.83	141	3	3	105446	105234	49898	41496	32330	37052	24798	32701	43365	29904	41425	31083
AT5G04900.1	NOL - NYC1-like	5.44E-02	1.72	78	2	2	10105	8182	31037	29630	24976	41402	39164	44372	27745	29421	68094	41271
AT4G21280.1;AT4G21280.2	PSBQ, PSBQA, PSBQ-1 - photosystem II subunit QA	5.46E-02	1.24	186	4	4	205048	185712	187614	187184	138513	146105	173374	200819	214423	289055	237552	189968
AT1G09850.1	XBCP3 - xylem bark cysteine peptidase 3	5.46E-02	1.67	25	1	1	10400	14267	20190	12478	18199	30724	11455	9855	13976	13557	4410	10426
AT1G61690.1	phosphoinositide binding	5.47E-02	1.95	195	5	5	516985	421190	164666	135783	189031	170307	96872	94070	146108	156515	231716	92928

AT5G08490.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	5.48E-02	2.68	47	2	1	51655	39814	16186	6415	12726	12575	10971	7409	11075	10251	3472	8869
AT3G01310.2;AT3G01310.1	Phosphoglycerate mutase-like family protein	5.52E-02	1.84	439	7	4	498985	423895	228050	181612	230626	136525	202299	103004	164669	225264	150911	78888
AT3G53890.1;AT5G27700.1	Ribosomal protein S21e	5.55E-02	1.46	20	1	1	46195	32608	36849	94514	83965	74248	92754	103507	64618	86504	74694	115475
AT3G53460.1;AT3G53460.4	CP29 - chloroplast RNA-binding protein 29	5.56E-02	1.70	186	3	3	15002	37992	32407	46782	32396	32017	48744	28859	46498	42456	100099	67468
AT3G17880.1;AT3G17880.2	HIP, ATTDX, ATHIP2, TDX - tetraticopeptide domain-containing thioredoxin	5.57E-02	2.33	524	9	8	2568635	2528721	789422	585915	796797	611021	417573	403742	794917	1018312	315080	431570
AT4G30010.1	unknown protein	5.58E-02	1.27	33	1	1	16031	13397	10636	14052	15119	13658	20162	18268	14770	20558	19600	11920
AT3G21945.1	Receptor-like protein kinase-related family protein	5.60E-02	4.63	29	1	1	75535	60771	8989	7363	7790	7705	4328	1888	9657	9046	6394	5010
ATCG01120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	5.61E-02	1.27	142	2	2	63897	102898	132703	109515	106742	104449	154786	134635	100772	148350	133848	118203
AT3G45640.1;AT1G10210.1	ATMPK3, MPK3, ATMAPK3 - mitogen-activated protein kinase 3	5.63E-02	2.38	185	6	6	657237	72117	238765	176518	247216	166266	111878	153545	73038	80647	106288	130190
AT3G01500.1	CA1, ATBCA1, SABP3, ATSABP3 - carbonic anhydrase 1	5.65E-02	1.71	2418	33	1	55370	45761	184154	130897	126295	108205	328857	182299	165844	125128	201374	110955
AT3G19420.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	5.65E-02	1.66	1408	22	21	7122927	7748612	3149628	2761191	3730107	4093067	2409950	2250065	4307087	4100486	2147596	1967328
AT4G02620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	5.66E-02	1.70	740	11	11	111403	90959	372868	328420	578595	705614	736780	707764	552783	451638	737424	530894
AT5G02160.1	unknown protein	5.66E-02	1.26	325	5	5	197084	185673	275682	192113	258543	344821	335488	345843	243038	278728	336259	293124
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	5.67E-02	1.54	783	13	13	450522	416626	1360907	1203439	993823	1213540	1992528	1598428	1124378	1015517	1502122	1477465
AT5G56930.1	emb1789 - CCCH-type zinc finger family protein	5.68E-02	1.85	29	1	1	14278	19459	11847	24632	19610	6251	19979	3441	8467	7798	4110	8085
AT1G69680.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	5.68E-02	2.59	47	1	1	5106	3544	3887	10201	5213	15725	19856	18416	6758	4664	37119	26505
AT3G49590.3;AT3G49590.1	Autophagy-related protein 13	5.69E-02	3.78	44	1	1	25539	24751	2823	4431	3523	3201	354	1731	6329	6571	1045	973
AT3G25690.1	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	5.70E-02	1.80	598	11	11	1101213	1045345	454433	382801	434011	347012	311445	314119	386695	505608	263797	305357
AT2G44630.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	5.71E-02	1.44	27	1	1	31727	28784	13423	24617	33288	29619	37798	46382	39436	43663	22120	43769
AT5G10630.2;AT5G10630.1	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	5.73E-02	2.37	123	3	2	53570	30101	9428	14193	10764	13778	3901	3481	17155	15986	5633	9448
AT5G62670.1	AHA11, HA11 - H(+)-ATPase 11	5.75E-02	1.87	175	4	1	872	1836	4999	5803	11719	30115	27444	20617	15346	12097	18928	8900
AT3G03776.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	5.79E-02	1.37	29	1	1	9818	8184	14446	8957	9866	11651	17417	13540	10102	10035	15636	19278
AT1G23030.1	ARM repeat superfamily protein	5.79E-02	5.84	22	1	1	44477	48220	3940	15084	3443	10468	0	2507	3741	13661	0	1620
AT4G37930.1;AT5G26780.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	5.79E-02	1.39	392	7	7	99116	71891	204746	100137	101669	100245	199033	168619	132914	118269	126214	198024
AT5G47030.1	ATPase, F1 complex, delta/epsilon subunit	5.80E-02	1.49	27	1	1	41072	48167	74086	162689	89210	132603	121659	129363	153308	98409	172064	142580
AT4G29410.1;AT2G19730.1	Ribosomal L28e protein family	5.81E-02	1.57	125	2	2	55423	55827	110667	113372	79848	67313	42445	21319	88907	50236	52484	51747
AT5G03630.1	ATMDAR2 - Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	5.81E-02	2.51	41	2	1	53780	42744	14382	10860	26271	81489	7396	10210	37826	16562	7903	11554
AT1G01350.1;AT5G06420.1	Zinc finger (CCCH-type/C3HC4-type RING finger) family protein	5.82E-02	6.81	67	2	2	64890	57576	4548	5014	5793	2838	1321	765	5257	8101	3687	1538
AT1G51980.1	Insulinase (Peptidase family M16) protein	5.85E-02	1.53	524	8	5	143957	137020	336388	418466	326705	330718	469007	379074	398710	272300	613111	455964
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.85E-02	1.95	308	5	5	141192	164852	52941	42947	54832	82064	32814	33938	72610	78638	29136	29518
AT1G70730.3;AT1G70730.2	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	5.85E-02	1.51	197	5	3	10867	12933	29112	39652	33413	48437	43930	42186	46867	36229	50838	43020
AT5G56290.1	PEX5, ATPEX5 - peroxin 5	5.88E-02	1.68	58	1	1	3227	2446	6217	7478	10590	20339	17597	13591	15624	7355	15508	14584
AT2G23350.1	PAB4, PABP4 - poly(A) binding protein 4	5.89E-02	1.33	578	15	15	429322	531259	892164	920248	623650	784172	928808	893524	733052	770868	1154110	1064136
AT1G23490.1;AT1G10630.1	ATARFA1A, ATARF1, ATARF, ARF1 - ADP-ribosylation factor 1	5.96E-02	1.45	603	10	10	1185113	1047581	2327295	1990825	2326593	2183701	1233360	1229518	1596034	1156503	1267311	1149787
AT4G20360.1	ATRAB8D, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	5.96E-02	1.42	4453	59	58	38275858	36386644	103486695	81670775	84962588	85295092	123297630	104585933	89314591	80070827	112504820	99769602
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 - homologue of NAP57	6.01E-02	2.26	487	5	5	924189	996752	420268	170998	306762	302809	181665	170950	407441	294543	136018	191915
AT2G46900.1	unknown protein	6.02E-02	2.20	85	3	3	51340	46491	16096	10792	20924	18182	8604	9197	25899	14717	3110	12871
AT5G38470.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	6.06E-02	1.23	220	4	4	154330	104215	87040	122039	114765	127726	142210	121113	155924	133829	133296	183743
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	6.07E-02	1.50	713	12	2	34304	32181	64850	71713	61017	77434	106872	86860	64198	53444	120766	79636
AT5G13650.1	elongation factor family protein	6.08E-02	1.47	370	8	8	109179	75250	201132	263404	261961	221251	325826	294685	238609	210334	314812	277638
AT2G43190.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	6.09E-02	2.85	260	6	6	530241	486429	95431	98836	122414	90944	65634	43645	153176	128599	53703	55127
AT5G01310.1	APTX - APRATAXIN-like	6.10E-02	2.11	45	2	1	834	988	4339	580	2283	5211	7399	2501	3867	1980	5603	8721
AT1G21630.1;AT1G21630.2	Calcium-binding EF hand family protein	6.12E-02	1.56	527	14	14	758924	836368	501307	379451	443632	359746	194544	295166	509593	510123	343909	248201
AT1G35160.1	GRF4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	6.17E-02	1.37	729	12	3	130028	107766	243089	213541	202890	195554	325258	296256	196236	190913	262422	223050
AT1G63650.1	EGL3, EGL1, ATMYC-2 - basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	6.19E-02	16.90	26	1	1	14725	13575	1025	555	404	286	523	459	404	392	0	32
AT4G33510.1;AT4G33510.2	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	6.24E-02	1.51	1096	20	19	942401	887258	2589099	2456159	2246203	2385339	3174653	3419078	1929998	2238940	3610895	3034124
AT1G64800.1	DNA binding;sequence-specific DNA binding transcription factors	6.25E-02	107.37	30	1	1	1832	2173	3	0	32	3137	1	0	33	33	0	0
AT5G16920.1	Fasciclin-like arabinogalactan family protein	6.26E-02	1.41	20	1	1	15270	14468	18125	37104	22870	35513	30770	36509	37627	22017	39037	36151
AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.31E-02	2.07	2603	35	3	103511	98987	219855	164545	145501	201492	264650	314512	142897	159113	794249	256049
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	6.32E-02	1.22	292	6	6	448977	367073	600070	706806	636623	606489	735524	652794	638883	638752	762106	679057
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	6.33E-02	1.28	626	11	9	382133	384194	836083	526893	761073	593083	706545	796324	727176	647637	785226	808522
AT3G56410.1	Protein of unknown function (DUF3133)	6.34E-02	10.08	489	9	1	28069	30931	1845	5636	230	4120	150	361	3188	1426	335	1566
AT5G23570.1	SGS3, ATSGS3 - XS domain-containing protein / XS zinc finger domain-containing protein-related	6.38E-02	2.12	137	2	2	35586	35611	18162	7869	9103	13789	4809	9099	7884	24244	6385	4238
AT2G32680.1	AtRLP23, RLP23 - receptor like protein 23	6.39E-02	3.21	57	1	1	32796	33729	6767	6665	4093	5838	4433	3536	2400	7433	2237	7965
AT1G60950.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	6.41E-02	1.49	40	1	1	275782	360470	145188	366164	368344	472187	363307	343843	748274	501514	520812	476963
AT1G12410.1	CLPR2, NCLPP2, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	6.42E-02	1.58	1263	17	17	619689	722220	2065798	2612115	2881629	3156876	3395739	3274120	3304087	2312359	3659776	3115688
AT2G24370.1	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	6.44E-02	1.45	22	1	1	54148	53910	245757	151251	92996	76469	155479	168602	131098	150572	197931	174129
AT3G50500.1;AT3G50500.2;AT5G66880.1	SPK-2-2, SNRK2-2, SNRK2.2, SRK2D - SNF1-related protein kinase 2.2	6.44E-02	2.94	117	3	3	261013	187768	40327	41194	39516	49735	22195	30388	40615	45903	47313	24677
AT2G47670.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein	6.47E-02	1.58	21	1	1	44801	40655	87840	44097	34136	30491	77445	132262	41724	73401	53675	66785
AT3G17850.1	Protein kinase superfamily protein	6.48E-02	1.45	199	3	3	242214	208222	132939	115371	172534	126994	99134	59852	141430	151538	123891	110490
AT5G05470.1	EIF2 ALPHA, ATEIF2-A2, EIF2-A2 - eukaryotic translation initiation factor 2 alpha subunit	6.51E-02	6.23	28	1	1	19277	26696	526	1095	1116	709	546	0	2561	4801	18	0
AT3G11230.2;AT3G11230.1	Yippee family putative zinc-binding protein	6.51E-02	2.72	25	1	1	14497	64225	7858	10977	12828	7095	1078	1906	14040	19171	5343	1712
AT5G14540.1	Protein of unknown function (DUF1421)	6.52E-02	2.40	47	1	1	82483	63960	28774	20745	20687	12232	8739	6725	21550	31853	16100	10554
AT3G02260.1	BIG, DOC1, TIR3, UMB1, ASA1, LPR1, CRM1 - auxin transport protein (BIG)	6.58E-02	2.32	165	3	3	35576	4894	7609	9391	7001	12334	3713	2072	13621	6806	4333	2513
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	6.58E-02	2.00	214	4	4	763405	648682	210985	174285	261811	276827	168415	162477	215755	325365	150990	144915
AT3G10570.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	6.59E-02	1.41	204	4	4	22134	49998	70356	44087	64624	61860	56975	89487	83806	62708	58183	78041	85775
AT5G14240.1	Thioredoxin superfamily protein	6.59E-02	1.47	365	7	7	333567	386129	258101	188075	196149	177439	99285	151426	220724	226991	197244	149077
AT1G06850.1	AtbZIP52, bZIP52 - basic leucine-zipper 52	6.60E-02	2.46	21	1	1	165689	226015	65050	44956	52991	36600	20619	37645	53584	74992	36544	16610
AT3G23510.1	Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase	6.61E-02	2.00	24	1	1	31605	22743	90959	56000	109291	55622	18349	51999	28354	47144	22168	14749
AT5G06290.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	6.62E-02	1.29	447	8	3	83359	95537	203293	135178	149696	122970	147967	194520	144252	193832	181827	158825
AT5G28540.1	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	6.63E-02	3.17	861	15	1	459579	404802	164684	69588	114580	235349	55708	64349	131741	128692	2010	74602
AT1G48830.1	Ribosomal protein S7e family protein	6.66E-02	1.59	35	1	1	4331	5051	22868	19149	10480	11932	19796	21201	11699	17779	26099	20833
AT1G17130.1;AT1G17130.2	Family of unknown function (DUF572)	6.67E-02	4.33	104	3	3	93321	87272	10518	12570	10467	6248	1811	2855	19374	19007	4728	3101
AT2G42130.4;AT2G42130.1;AT2G42130.2;AT2G4	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	6.72E-02	1.70	755	14	2	29478	28244	70775	82676	40563	35351	126131	72789	41181	46170	104642	98249
AT3G13080.1	ATMRP3, MRP3, ABCC3 - multidrug resistance-associated protein 3	6.73E-02	1.84	24	1	1	31472	17804	61769	122711	37625	65319	47656	158446	60520	86799	153773	112274
AT3G60820.1;AT3G60820.2	PBF1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	6.73E-02	1.62	194	3	3	43263	32667	106810	79248	79058	74930	106249	124126	70739	62457	167110	141164
AT1G20450.1	LTI29, LTI45, ERD10 - Dehydrin family protein	6.74E-02	2.56	1528	25	24	18346820	17451806	5730155	3128348	4280827	3659130	1920988	2553193	5324792	6596968	2109906	2056464
AT4G17770.1	ATTPS5, TPS5 - trehalose phosphatase/synthase 5	6.79E-02	3.42	37	1	1	75044	65426	10063	9908	20508	8240	9582	6181	14128	19952	3207	2221
AT5G28740.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.79E-02	1.80	115	3	3	81781	71973	28377	21776	40359	32976	21710	18783	30421	44344	17746	21036
AT1G13440.1;AT1G13440.2	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	6.80E-02	1.46	1149	19	2	85391	147140	359243	198673	353352	190040	263662	410729	266789	342315	356712	300945
AT5G39410.1	Saccharopine dehydrogenase	6.83E-02	1.41	29	1	1	12131	11198	22334	21685	13714	17234	12832	11434	8194	7893	15454	13890
AT3G48100.1	ARR5, ATRR2, IBC6, RR5 - response regulator 5	6.83E-02	1.85	24	1	1	7352	4540	17803	33761	36669	28913	33041	49539	35262	18385	40448	61798
AT1G09575.1	Protein of unknown function (DUF607)	6.84E-02	1.97	25	1	1	1104	2107	21504	7004	10908	12767	24146	17603	13386	10250	31749	12009
AT1G10940.1	ASK1, SNRK2-4, SNRK2.4, SRK2A - Protein kinase superfamily protein	6.87E-02	1.87	101	3	2	140717	170706	45352	46025	104179	66978	46491	42221	88200	55968	39342	33923
AT2G42590.1;AT2G42590.2	GRF9, GF14 MU - general regulatory factor 9	6.88E-02	1.39	729	13	11	957816	944103	2520035	1737288	2483294	2476158	3120034	2399269	2498668	2122378	2846982	2502139
AT3G09770.1	RING/U-box superfamily protein	6.89E-02	1.29	28	1	1	19596	23298	29909	21696	27089	19632	15732	26455	11794	20920	19132	15544
AT3G49680.1;AT3G49680.2;AT5G65780.1	ATBCAT-3, BCAT3 - branched-chain aminotransferase 3	6.91E-02	1.77	42	2	2	2928	2671	13941	13280	16200	18501	27576	19485	14263	11992	25158	20833
AT2G39800.3	P5CS1 - delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	6.94E-02	1.93	979	21	1	23439	5756	4208	10061	6481	8085	19207	25701	6187	11170	31310	18360
AT4G29590.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	6.98E-02	1.55	58	1	1	32774	20753	49855	39571	38564	22619	96795	58680	35886	38675	45247	40434
AT4G32180.1	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	7.00E-02	1.20	196	5	5	84135	71751	111164	93537	101741	97360	60840	72362	91704	91374	74916	75890
AT1G29220.1	transcriptional regulator family protein	7.00E-02	2.88	270	3	3	303979	232486	44087	44759	50848	67755	31683	31903	59801	74619	30976	29229
AT4G13430.1	IIL1, ATLEUC1 - isopropyl malate isomerase large subunit 1	7.02E-02	1.85	42	1	1	8086	4645	5033	5211	7654	4576	21659	14827	8823	4457	7064	8178
AT2G39660.1	BIK1 - botrytis-induced kinase1	7.03E-02	1.75	28	1	1	4294	7981	21409	19503	45311	66832	58738	39987	70571	45886	48317	25966
AT4G21750.1	ATML1 - Homeobox-leucine zipper family protein / lipid-binding START domain-containing protein	7.03E-02	1.65	43	2	1	754	365	1919	2444	1751	8067	5003	4548	4750	2149	3939	4784
AT4G27585.1;AT5G54100.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	7.03E-02	1.68	294	4	4	246217	211450	168507	92748	86414	103173	72686	85594	117404	117442	44427	104232

AT5G45490.1;AT5G45440.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.04E-02	1.71	60	2	2	22896	18815	161552	130040	105773	60531	117025	221999	95231	127780	163045	130377
AT4G03120.1	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	7.06E-02	2.53	181	2	2	91866	103584	27723	28390	15046	26956	3261	9996	33581	43867	14504	10869
AT5G05240.1	Uncharacterised conserved protein (UCP030365)	7.07E-02	1.86	24	1	1	13987	21121	25684	50207	25895	11072	13999	5404	27689	13274	9568	9586
AT3G45140.1	LOX2, ATLOX2 - lipoxygenase 2	7.08E-02	1.42	2174	34	33	2275630	2345158	6350954	5030937	7131155	5723318	6793173	7878137	5462122	5879961	7803596	7104104
AT3G43230.1	RING/FYVE/PHD-type zinc finger family protein	7.11E-02	11.27	109	1	1	38	8596	258	1517	847	1489	5	178	406	247	270	26
AT1G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein	7.11E-02	2.02	41	1	1	731	377	2127	6264	9747	8711	8593	8069	5350	5034	16468	12995
AT5G08060.1	unknown protein	7.13E-02	1.48	57	1	1	9411	13640	19270	12279	23058	7334	32235	23748	15503	22957	16154	15516
AT1G47260.1	APFI, GAMMA CA2 - gamma carbonic anhydrase 2	7.15E-02	1.52	67	2	2	16161	10009	30497	38235	25802	15885	37533	25148	23541	28792	48435	43835
AT5G27030.1	TPR3 - TOPLESS-related 3	7.18E-02	1.54	367	9	2	14576	12964	15011	30040	36260	55177	48225	30122	66919	37600	35224	34403
AT4G27640.1	ARM repeat superfamily protein	7.18E-02	1.58	122	2	2	14242	17089	13654	32549	20928	33610	13852	6869	16360	12594	18980	14876
AT4G19191.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.19E-02	9.33	23	1	1	17076	29231	1485	1770	1173	695	690	659	1132	1419	488	1122
AT4G33580.2	ATBCA5, BCA5 - beta carbonic anhydrase 5	7.19E-02	4.96	24	1	1	7888	3499	334	869	790	984	11	316	837	178	591	963
AT5G58330.1	lactate/malate dehydrogenase family protein	7.20E-02	1.55	131	3	3	83200	58705	193694	169369	164578	167707	328748	213369	157699	152612	275356	166739
AT5G60790.1	ATGCN1, GCN1 - ABC transporter family protein	7.22E-02	1.76	114	3	3	3469	6468	25761	31101	42330	41698	28699	40975	46388	47641	56431	45027
AT2G17201	Ribophorin I	7.23E-02	1.50	97	2	2	68352	65942	116491	120285	161836	151284	103680	56002	87602	77538	71982	58861
AT1G29900.1	CARB - carbamoyl phosphate synthetase B	7.24E-02	1.73	57	2	2	26262	23449	33335	36372	24378	19001	28215	53662	28629	93367	25915	51693
AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	7.25E-02	1.51	204	4	4	27481	30446	63213	95555	76287	110286	91763	103899	90466	68011	129801	125520
AT4G23850.1	LACS4 - AMP-dependent synthetase and ligase family protein	7.26E-02	1.57	705	10	10	135873	128722	209507	259321	365352	335616	178047	170766	122401	149727	158406	133264
AT5G09400.1	KUP7 - K+ uptake permease 7	7.33E-02	2.08	24	1	1	170487	112461	111053	84127	77102	67700	46436	61564	56934	93033	2924	37956
AT5G03900.2	Iron-sulphur cluster biosynthesis family protein	7.34E-02	1.51	37	1	1	31976	69229	60175	75073	62519	41006	46355	59617	24097	19497	29424	45834
AT1G08980.1	ATAMI1, AMI1, ATTOC64-I, TOC64-I - amidase 1	7.35E-02	4.14	21	1	1	21086	21303	4156	1903	2279	3333	2973	2191	3119	2537	342	1898
AT3G44785.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	7.36E-02	2.63	27	1	1	158	130	6183	3354	3327	1102	9116	8142	1679	1950	4724	11949
AT1G55860.1	UPL1 - ubiquitin-protein ligase 1	7.36E-02	1.61	1416	25	15	2269971	2354660	1128544	856412	1142657	1072584	1041697	571292	1259260	1236575	739021	638252
AT5G27270.1	EMB976 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.37E-02	1.62	21	1	1	48527	84290	82834	117702	54419	33167	29193	52591	51330	40376	48794	38097
AT5G41600.1	BTI3, RTNLB4 - YIRB2-interacting protein 3	7.38E-02	1.97	102	1	1	116186	109614	82328	31164	55558	44879	36920	20958	83246	43004	6191	32495
AT3G08530.1	Clathrin, heavy chain	7.41E-02	1.40	4994	74	18	823728	850823	1435969	1262360	1908928	1639000	1055830	867227	983607	1056962	900530	780058
AT4G38600.1;AT4G38600.2	KAK, UPL3 - HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	7.42E-02	2.19	311	8	8	594196	509369	153316	111349	156230	194816	119645	101820	190918	174287	99502	98027
AT5G14740.2;AT5G14740.1;AT5G14740.3;AT5G1	CA2, CA1B, BETA CA2 - carbonic anhydrase 2	7.42E-02	1.17	2534	33	16	3661552	3858322	5760597	5249362	5062983	4495959	5835375	5841120	4857890	5036839	5122277	6178327
AT5G19855.1	Chaperonin-like RbcX protein	7.43E-02	1.27	131	3	2	186073	160516	151600	137426	181445	99420	159679	110929	117573	122200	98369	113833
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	7.47E-02	2.61	3762	49	45	65288182	64717571	14447876	12176704	15242284	12608904	8472469	7939304	18370130	20057599	8070054	7651911
AT5G08580.1	Calcium-binding EF hand family protein	7.48E-02	1.79	55	1	1	11995	25339	7701	8423	13344	7877	6566	2241	15197	9196	5507	3114
AT5G47190.1	Ribosomal protein L19 family protein	7.56E-02	1.39	152	4	2	56039	62902	107936	67877	29377	39162	61034	75115	99816	99881	79887	88045
AT4G30890.1	UBP24 - ubiquitin-specific protease 24	7.56E-02	1.55	165	2	2	12644	13960	23534	23078	20014	40031	33709	16309	38288	29142	50194	38853
AT1G66070.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	7.57E-02	1.73	206	4	4	489540	544016	264538	179226	261810	246259	52876	124219	325930	416154	131826	93480
AT2G17870.1	ATCSP3, CSP3 - cold shock domain protein 3	7.59E-02	1.35	141	4	4	26227	21218	54524	49213	45292	74373	57364	65267	56893	67065	61906	57482
AT3G29400.1	ATEXO70E1, EXO70E1 - exocyst subunit exo70 family protein E1	7.60E-02	5.23	90	1	1	204	5199	945	4149	2131	1412	1013	0	487	907	100	176
AT5G23680.1;AT3G48800.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	7.61E-02	2.17	122	2	2	86677	101321	30681	29087	40295	17588	12194	8183	39548	47764	17131	16317
AT5G66540.1	unknown protein	7.61E-02	7.23	39	1	1	12480	16427	1140	3310	145	1066	42	0	2336	2012	251	141
AT1G71400.1	AtRLP12, RLP12 - receptor like protein 12	7.69E-02	1.52	51	2	1	62718	117284	121169	94756	98227	49489	47309	30710	51236	95535	78732	54632
AT1G62780.1	unknown protein	7.70E-02	1.25	875	15	14	974573	1013826	1787326	1678196	1576865	1228487	1900827	2131447	1634937	1362398	1616232	1711307
AT1G07980.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	7.74E-02	2.27	1036	18	17	2531551	2855253	743969	539572	718998	765064	391952	431128	864638	1048951	433285	428028
AT4G25710.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	7.81E-02	1.64	20	1	1	5121	4858	23145	21132	27499	47087	41365	37202	30440	23768	45873	32103
AT3G16350.1	Homeodomain-like superfamily protein	7.82E-02	1.27	22	1	1	84453	71868	90686	72367	77852	64204	77496	53175	61038	86147	49747	35885
AT4G27440.1	PORB - protochlorophyllide oxidoreductase B	7.88E-02	1.48	1774	27	15	982425	1018363	2928927	3087634	2959393	2855701	3735847	3531729	2713674	2371800	4400548	3732628
AT1G69460.1	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein	7.88E-02	2.01	26	1	1	3427	7574	10226	6537	4910	10122	3782	3714	3031	5567	334	4857
AT5G16620.1	PDE120, TIC40, ATTIC40 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	7.89E-02	2.02	70	2	2	56117	68060	14174	24196	23929	17601	6971	8753	29775	36712	9841	8777
AT3G55200.1	Cleavage and polyadenylation specificity factor (CPSF) A subunit protein	7.93E-02	1.47	109	2	2	7120	7113	13939	23200	20144	27799	26219	16054	29419	24738	23946	25433
AT4G18810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	7.94E-02	1.78	25	1	1	1527	1370	7671	6057	5280	2474	3981	10730	5122	4510	6998	11970
AT4G31080.2	Protein of unknown function (DUF2296)	8.07E-02	1.60	115	3	3	209474	155713	75015	73863	94263	86296	48683	75410	80060	119440	64102	47676
AT1G10580.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	8.08E-02	2.61	177	3	3	202801	229805	58471	44359	39770	37753	17610	24269	64951	76389	27130	24221
AT3G02090.1;AT3G02090.2	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	8.11E-02	1.41	1109	16	16	587553	586452	1407718	1409632	1152836	1030900	1651945	1337242	1113437	992503	1850700	1743618
AT3G17390.1;AT2G36880.1	MTO3, SAMS3, MAT4 - S-adenosylmethionine synthetase family protein	8.12E-02	1.17	636	9	7	1323525	1171347	1270338	1810052	1403161	1582117	1077553	1333867	1084666	1232306	1426776	1141704
ATCG00330.1	RPS14 - chloroplast ribosomal protein S14	8.13E-02	1.33	69	2	2	108337	120634	69135	149354	85493	85777	144482	198099	97282	140035	137374	108497
AT1G56070.1;AT3G12915.1	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	8.15E-02	1.39	1104	19	17	457620	461752	1317686	973230	1089105	1114945	1280732	1259060	1111060	977652	1664198	1216089
AT5G28060.1;AT3G04920.1	Ribosomal protein S24e family protein	8.16E-02	2.10	67	2	2	17822	46068	28365	20126	23230	13410	714	17784	19845	14353	7189	10960
AT4G14070.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	8.20E-02	1.49	153	3	2	21719	42295	36068	32009	54993	44736	11532	33296	31531	36903	23918	18382
AT3G09790.1	UBQ8 - ubiquitin 8	8.20E-02	1.52	78	2	1	26848	40892	40350	121499	60436	213808	134010	91110	122652	85510	165654	167642
AT1G06690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	8.21E-02	1.86	62	2	2	1465	796	4033	6743	11164	21106	6405	7887	20585	13115	22848	13380
AT1G76450.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein	8.31E-02	1.46	95	3	3	17569	17618	33697	47866	50074	47934	51633	50794	50902	32182	54683	72356
AT1G02780.1	emb2386 - Ribosomal protein L19e family protein	8.34E-02	2.66	121	1	1	34955	29489	10502	5047	4176	6271	3481	1940	10912	14980	1148	1506
AT2G40300.1	ATFER4, FER4 - ferritin 4	8.37E-02	1.28	256	6	5	217366	234967	143829	198632	222415	155502	105560	115324	185030	154604	202055	154258
ATCG00470.1	ATPE - ATP synthase epsilon chain	8.39E-02	1.68	980	12	11	687247	831094	2675163	2631385	2460124	2420737	4468196	1738573	3011743	2025992	4684379	3738818
AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	8.41E-02	1.53	210	4	4	199524	234165	252529	333970	236692	232072	342223	486016	186679	285641	650208	331762
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	8.45E-02	1.32	508	11	11	137671	164587	329100	350394	335197	344794	364831	307281	382649	344583	427100	374676
AT4G14385.2	unknown protein	8.47E-02	1.49	25	1	1	32382	71479	163829	51766	95123	71511	106414	157815	68493	124463	148900	116765
AT4G23329	CRK13 - cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 13	8.48E-02	1.55	33	1	1	29342	32154	21580	51499	28669	54777	27272	9921	24986	14957	36825	26529
AT2G32780.1	UBP1, ATUBP1 - ubiquitin-specific protease 1	8.48E-02	1.83	21	1	1	16009	20341	112611	123226	81777	98660	188497	129947	79869	67540	180346	179936
AT1G79090.1	unknown protein	8.51E-02	1.67	152	3	2	542233	495683	245526	175843	164345	290753	168102	172696	243644	212238	204458	144531
AT3G53110.1	LOS4 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	8.53E-02	1.61	398	7	7	940115	992508	511603	338637	471548	437169	338703	306155	484597	684519	261876	220254
AT5G13630.1;AT5G13630.2	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative / Mg-protoporphyrin	8.59E-02	1.44	697	17	16	209370	204614	564365	648627	635501	828615	820582	641265	725836	625056	919605	714746
AT3G19380.1	PUB25 - plant U-box 25	8.61E-02	3.71	22	1	1	79561	49433	12921	6128	6810	11303	8443	6346	10872	8201	4012	6910
AT3G43590.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	8.62E-02	1.91	80	1	1	12181	10668	3345	3509	4556	3215	2762	2325	5600	2845	3223	2879
AT2G45290.1	Transketolase	8.63E-02	2.23	546	11	1	13832	15979	4285	9773	22841	40172	24175	34137	26422	10528	80854	61843
AT4G22320.1;AT4G22320.2	unknown protein	8.64E-02	2.46	222	4	4	406023	385550	85541	91988	91602	75830	89140	79225	73793	90894	81969	46072
AT4G34920.1;AT4G34930.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	8.65E-02	1.22	433	11	11	578044	471590	677716	788538	748602	1006070	769773	940861	894451	733800	965079	900850
AT4G36690.2;AT4G36690.3	ATU2AF65A - U2 snRNP auxilliary factor, large subunit, splicing factor	8.66E-02	2.65	142	2	2	1445636	1330283	353478	197965	307753	267511	128855	109068	424249	458483	187675	162060
AT1G27130.1	ATGSTU13, GST12, GSTU13 - glutathione S-transferase tau 13	8.68E-02	2.00	46	1	1	6105	2329	14747	10211	10736	6007	1617	6882	3412	5683	2810	4610
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 - HSP70-interacting protein 1	8.71E-02	1.90	4319	48	46	219462805	211677176	76630593	57304551	77122915	67505964	57545741	46578721	91062967	88693179	47526696	43016746
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	8.78E-02	1.37	391	8	8	94654	144172	230465	319681	211503	283808	314879	324972	279978	217254	356353	260834
AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein family	8.79E-02	1.52	171	3	2	109038	96408	61033	47258	45250	52011	26512	47742	54805	76821	31220	33667
AT3G49920.1	VDAC5, ATVDAC5 - voltage dependent anion channel 5	8.80E-02	3.16	22	1	1	8738	11302	9879	8822	5225	522	480	3937	1033	4273	180	4176
AT5G50920.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	8.84E-02	1.34	5320	83	30	1756840	1564023	4489590	3710494	3028503	2813555	4632153	4382167	3090973	3111922	3871691	4102164
AT1G66200.1;AT1G66200.2;AT1G66200.3	ATGSR2, GSR2, GLN1;2 - glutamine synthase clone F11	8.84E-02	1.56	672	11	2	72009	88133	496263	292423	383532	334501	576481	347486	449393	304350	488930	440965
AT1G62380.1	ACO2, ATACO2 - ACC oxidase 2	8.89E-02	1.65	37	1	1	1649	535	4186	4464	5864	8918	6914	5411	8903	5958	9103	5973
AT3G10800.1	BZIP28 - Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	8.90E-02	3.33	24	1	1	160050	158295	29929	28718	16851	20266	8199	14828	27410	43031	20195	10855
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	8.91E-02	2.25	223	4	1	1364	3341	7475	13342	14449	10523	20629	14008	13665	4325	28205	32897
AT1G50480.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	8.98E-02	1.50	315	7	7	21221	23235	88576	90323	109790	83820	125397	99512	87019	85318	116192	111356
AT5G05230.1	RING/U-box superfamily protein	8.99E-02	2.59	69	1	1	60265	57291	11542	14079	15337	8503	11244	7514	12638	21071	5177	6868
AT5G03415.1	DPB, ATDPB - Transcription factor DP	9.02E-02	3.06	131	2	2	59975	53040	8755	7345	6520	15830	2293	6722	11821	21065	2160	5395
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE-TOLERANT 1	9.03E-02	1.45	537	10	10	145988	153562	363139	548463	370032	307198	474906	515410	399599	270586	533581	543236
AT3G02360.1;AT5G41670.1	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	9.05E-02	2.74	46	1	1	263	892	4159	3278	4400	6070	6863	8280	2204	3633	24880	6326
AT2G32060.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	9.08E-02	1.32	105	2	2	78113	117724	150664	85726	99449	91055	78820	73385	96674	76631	46161	100782
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	9.08E-02	1.36	189	4	4	93545	75631	141598	72902	57736	67148	134137	63702	130272	124899	114194	123960
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.11E-02	1.45	157	4	4	80658	101108	207184	177863	195713	152450	125496	205042	177572	236688	319425	259291
AT5G59290.2	UXS3, ATUXS3 - UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	9.12E-02	1.68	65	1	1	5056	13285	62024	38852	31216	30952	47960	67046	26543	40517	63246	58964

AT3G13200.1	EMB2769 - Cwf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	9.15E-02	2.26	268	5	5	948590	910905	296043	166517	189631	374962	212083	152459	348354	297213	118401	146397
AT5G18700.1	RUK, EMB3013 - Protein kinase family protein with ARM repeat domain	9.17E-02	2.83	52	2	1	16825	17168	6900	3769	2193	3734	2400	2140	4449	7660	88	1157
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	9.19E-02	2.46	373	5	4	1353435	1275508	329921	326149	296578	207207	204729	239814	302003	453063	159985	180180
AT1G03860.1;AT4G28510.1	ATPHB2, PHB2 - prohibitin 2	9.20E-02	1.50	278	4	3	38795	31835	109188	119319	76782	88080	128213	131696	81349	69624	137610	149306
AT1G64930.1	CYP89A7 - cytochrome P450, family 87, subfamily A, polypeptide 7	9.22E-02	5.79	24	1	1	31188	24645	736	3125	3687	4582	1653	2232	1763	2809	831	2440
AT5G39570.1	unknown protein	9.22E-02	2.42	1640	22	22	62809661	54645347	17828700	9402848	12434693	15819773	10078590	8911342	21104189	17224239	4447551	9658607
AT2G38440.1	ITB1, SCAR2, DIS3, WAVE4, ATSCAR2 - SCAR homolog 2	9.23E-02	2.07	237	6	5	176521	149536	49931	37601	44696	69985	30144	41170	61194	76162	12198	33864
AT5G47490.1	RGPR-related	9.23E-02	7.58	34	1	1	6097	11470	74	1650	1935	1300	817	420	620	876	69	171
AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on the aldehyde or oxo group of donors, NAD or NADP as acceptor;copper ion binding	9.26E-02	1.47	128	2	2	13337	14087	59545	40815	43514	30145	48123	61258	35154	36532	62257	53434
AT1G78110.1	unknown protein	9.29E-02	2.68	25	1	1	37498	38969	4245	5207	12896	11775	3051	3487	16662	12871	3108	2095
AT5G43830.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	9.32E-02	1.64	84	2	2	1358	2524	13810	13075	17973	26762	20100	18877	19886	19245	28342	17367
AT5G62390.1	ATBAG7, BAG7 - BCL-2-associated athanogene 7	9.32E-02	1.36	600	12	12	855016	754376	431189	425379	423168	442790	376588	336770	480999	476205	412771	367308
AT1G25490.1	RCN1, REGA, ATB BETA BETA, EER1 - ARM repeat superfamily protein	9.35E-02	1.62	364	8	5	71341	61096	173550	152254	200934	154863	98450	81653	85851	88050	92576	54517
AT5G67030.1;AT5G67030.2	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1)	9.36E-02	1.43	247	6	6	20698	26872	80549	65877	80443	94775	81818	106554	76900	93079	77125	92481
AT3G08510.1;AT2G40116.1;AT3G08510.3;AT3G(	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	9.41E-02	1.61	824	15	14	3694932	3217223	1212285	1393233	1777705	1314667	1088631	1157788	1724149	1399138	1279847	1202531
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	9.42E-02	1.43	655	12	12	185711	224079	726457	583457	700702	636910	761197	817445	591196	601146	891925	710024
AT2G26670.1;AT2G26670.2	HY1, ATHO1, HO1, TED4, GUN2, HY6 - Plant haem oxygenase (decyclizing) family protein	9.43E-02	1.64	40	1	1	3647	5116	13947	13379	18696	23245	21869	12474	24067	12613	32518	24748
AT4G32260.1	ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	9.44E-02	1.34	142	3	3	80146	113062	200838	156875	155688	103456	202493	212182	132448	169343	233833	133062
AT4G09520.1	Cofactor-independent phosphoglycerate mutase	9.44E-02	1.79	33	1	1	3706	4840	40611	23544	24066	12093	65988	38887	20248	27789	24530	17954
AT4G21640.1	Subtilase family protein	9.45E-02	1.50	30	1	1	3900	4782	13132	23374	13908	22375	18019	21650	19670	14029	25970	23261
AT5G54600.1	Translation protein SH3-like family protein	9.46E-02	5.88	35	1	1	3958	2946	195	112	203	2315	349	0	762	173	371	0
AT2G05830.1;AT2G05830.2	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	9.47E-02	1.52	107	3	3	4889	7156	25721	39313	17383	21447	28918	36646	19783	25163	36863	28980
AT5G40580.3;AT3G27430.2;AT3G27430.3	PBB2 - 20S proteasome beta subunit PBB2	9.47E-02	2.83	55	2	1	1587	961	6722	3752	3031	8956	7615	6895	4568	2768	38163	10730
AT1G58290.1	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	9.48E-02	1.32	174	4	2	42412	19481	12701	19720	17780	20593	24985	31779	30638	37136	21264	28943
AT3G61600.1;AT2G46260.1	ATPOB1, POB1 - POZ/BTB containin G-protein 1	9.48E-02	1.34	164	4	4	138108	126331	101269	73558	120793	90032	49667	54605	93781	139342	78924	67038
AT1G56450.1	PBG1 - 20S proteasome beta subunit G1	9.50E-02	1.43	95	2	2	23470	29950	142785	50670	52120	39388	82258	109365	48720	69622	95208	79959
AT2G41960.1	unknown protein	9.52E-02	1.56	26	1	1	88296	116685	106035	72675	229039	114433	44176	37007	106534	169386	54281	55496
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	9.58E-02	1.46	456	9	9	75025	90490	294047	280750	317248	301307	323731	350660	254721	277472	412205	364564
AT5G40450.1	unknown protein	9.60E-02	1.89	12557	184	179	134398055	129617099	40771453	35913903	42349660	46426796	28188497	26778177	55430576	60129553	28765014	27749031
AT5G13450.1;AT5G13450.2	ATP5 - delta subunit of Mt ATP synthase	9.61E-02	1.46	317	9	9	205970	169857	682233	626754	470355	416749	820628	714505	435141	448519	737165	610373
AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	9.64E-02	2.13	2309	35	35	17830824	16163332	4147281	4062644	4495692	4877146	2642242	3341069	6023643	6085755	2950100	3142108
AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/YVTN repeat-like protein	9.66E-02	1.58	213	5	5	24269	25275	82691	123149	116471	153428	178281	97978	131237	92156	186681	143259
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	9.67E-02	1.62	69	1	1	37192	34031	30161	20677	18191	24176	16398	15257	28475	23401	2876	15096
AT5G23880.1	EMB1265, CPSF100, ESP5, ATCPSF100 - cleavage and polyadenylation specificity factor 100	9.70E-02	1.67	107	2	1	6491	3380	8033	26626	30082	19656	30128	19474	25011	12005	37727	32990
AT1G09130.1;AT1G09130.3	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	9.71E-02	1.42	934	17	15	2010463	2116634	5395483	3831064	3992568	2931612	7447655	5864220	3191049	3778434	4450243	4058027
AT5G47040.1	LON2 - lon protease 2	9.75E-02	2.50	48	1	1	100	282	4940	7190	3598	6561	11301	12287	3068	2339	13258	14431
AT4G25880.3;AT4G25880.1	APUM6, PUM6 - pumilio 6	9.76E-02	1.77	90	2	2	145523	76262	66297	32006	37431	65690	51235	24220	62818	43406	20867	37146
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	9.79E-02	1.56	468	5	5	92970	70737	367469	355732	332084	540000	616778	507737	429515	279495	466820	439174
AT2G19710.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	9.83E-02	2.06	23	1	1	23214	17484	7907	4479	5856	5714	2483	2309	5459	4857	9618	6694
AT3G15000.1;AT1G53260.1	cobalt ion binding	9.84E-02	1.21	161	3	3	328785	316838	265208	290568	231281	217707	192934	213352	258137	233588	297511	168574
AT2G32260.1	ECT1, CCT1 - phosphorylcholine cytidylyltransferase	9.89E-02	2.20	121	3	3	699395	575382	155458	188101	132956	155376	99901	118744	234556	231634	91381	88681
AT1G71220.2	EBS1 - UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferases;transferases, transferring hexosyl groups;transferases, tra	9.92E-02	1.52	31	1	1	13343	39203	13774	13730	18107	18500	20163	13430	9290	9684	14489	9517
AT4G28550.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1p superfamily protein	9.94E-02	2.34	26	1	1	78920	100524	141722	206653	156457	113896	113325	542572	126859	111980	410852	559567
AT4G00100.1;AT3G60770.1	ATRPS13A, RPS13, PFL2, RPS13A - ribosomal protein S13A	9.98E-02	1.48	136	4	4	80327	74839	70627	45892	38469	31475	36268	28257	50750	57489	25219	32496
AT1G12850.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.01E-01	4.16	77	2	2	52466	71024	4788	6432	8458	4892	1183	5289	5888	17077	2640	3516
AT3G51880.1;AT3G51880.2	HMGB1, NFD1 - high mobility group B1	1.01E-01	2.23	111	1	1	45241	90922	22557	23818	17835	11616	7458	6400	28008	18745	18921	15569
AT1G23190.1	PGM3 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	1.01E-01	1.48	153	4	2	8517	7281	23220	35781	36091	53614	47329	35479	39074	30134	47064	44838
AT2G34820.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	1.01E-01	4.14	20	1	1	896	0	1252	847	1254	2052	3093	9546	1519	2017	4961	4967
AT5G03040.1	iqd2 - IQ-domain 2	1.02E-01	1.30	192	5	4	69986	86806	88847	105562	70778	136349	144052	138181	101837	109591	150350	79070
AT4G32160.1	Phox (PX) domain-containing protein	1.02E-01	1.40	48	2	1	8465	7196	7673	6255	5756	10000	6883	4845	1887	4027	10711	4058
AT3G61130.1	GAUT1, LGT1 - galacturonosyltransferase 1	1.02E-01	4.11	21	1	1	46726	41968	6833	2272	5050	8534	2568	3232	9208	6625	4701	781
AT5G64050.1	ATERS, OVA3, ERS - glutamate tRNA synthetase	1.02E-01	1.93	48	1	1	3212	830	8250	11003	10405	5459	8641	4975	8475	17421	22013	14229
AT1G26890.1	FBD, F-box and Leucine Rich Repeat domains containing protein	1.02E-01	1.35	24	1	1	237834	206419	387894	299473	263071	161283	333913	555894	264252	351309	347618	251118
AT3G23900.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1.02E-01	2.53	245	5	5	700918	634334	126084	111938	144424	145803	83982	59658	199820	232940	89832	71470
AT1G14650.1;AT1G14640.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	1.02E-01	1.47	409	11	9	637862	616950	297939	279838	352291	271859	270876	264290	335003	383898	197036	223879
AT3G59400.1	GUN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	1.03E-01	1.30	126	3	3	33526	46863	94735	51030	74758	50185	100071	66469	92595	65083	62636	71226
AT2G12875.1	unknown protein; Has 30201 Blast hits to 17322 proteins in 780 species: Archae - 12; Bacteria - 1396; Metazoa	1.03E-01	1.49	21	1	1	118164	102172	178761	144002	186522	216707	126034	79389	143335	151640	30910	102220
AT4G13670.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	1.03E-01	1.40	194	5	5	106430	115995	160641	131972	96516	122275	177499	160825	113831	99808	240644	232480
AT1G18210.1	Calcium-binding EF-hand family protein	1.03E-01	1.59	41	2	2	241041	391258	152203	116227	213617	151330	67387	113790	221671	232026	81032	81697
AT4G24830.1;AT4G24830.2	arginosuccinate synthase family	1.03E-01	1.41	218	5	5	25199	26833	75284	64410	69607	120509	90900	80577	127005	79547	87072	73552
AT5G36230.1	ARM repeat superfamily protein	1.04E-01	1.54	44	2	2	12398	7920	5936	3920	7958	11981	5776	3145	7901	7080	4782	3780
AT4G23190.1	CRK11, AT-RLK3 - cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 11	1.04E-01	3.34	27	1	1	70393	57755	14046	4921	7952	15958	7772	6373	11282	16212	3335	6299
AT3G12775.1	ubiquitin-conjugating enzyme family protein	1.04E-01	114.58	21	1	1	22628	29051	1839	0	158	0	0	0	0	449	19	0
AT3G51250.1	Senescence/dehydration-associated protein-related	1.04E-01	4.11	156	2	2	23001	62960	2826	5657	3913	7737	1992	657	9558	7109	2462	4049
AT4G23630.1	BTI1, RTNLB1 - VIRB2-interacting protein 1	1.04E-01	2.82	188	3	3	5863355	6079934	1179324	1087264	895977	918925	636401	696243	1284198	1693669	722028	646046
AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	1.04E-01	1.79	564	10	10	2608599	2611428	690986	949779	889577	1119644	973807	663751	1120250	1105631	544238	559709
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	1.04E-01	1.45	293	5	5	200298	231959	532743	407044	464630	316572	232794	368283	183660	196953	275400	227274
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	1.05E-01	1.20	162	3	3	75794	69023	86366	96223	80042	60082	56888	47272	74251	57738	81217	70995
AT4G34490.1	ATCAP1, CAP 1, CAP1 - cyclase associated protein 1	1.05E-01	1.23	223	5	5	72441	81908	107583	132282	113078	102089	93888	148861	116099	106453	138758	142561
AT1G66680.1	AR401 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.05E-01	1.69	99	2	2	317045	280138	139422	83328	113928	120201	84793	75596	113858	151715	109342	89529
AT2G20950.1;AT2G20950.3	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	1.06E-01	2.85	63	1	1	51561	57255	6876	9316	6730	15705	4456	7844	11623	20939	3810	2986
AT4G08580.1	microfibrillar-associated protein-related	1.06E-01	4.22	179	3	3	110195	111913	8191	14728	4757	11723	1589	4415	22838	27580	419	5138
AT4G02780.1	GA1, ABC33, ATCPS1, CPS, CPS1 - Terpenoid cyclases/Protein prenyltransferases superfamily protein	1.06E-01	1.68	23	1	1	2192	2593	7952	7573	10128	18943	20514	18300	7300	7656	18529	10587
AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily protein	1.07E-01	1.79	1297	21	20	6171126	6335778	2111461	1874417	2329090	1938275	1805733	1507396	2607051	2879486	1439204	1328440
AT4G14615.1	unknown protein	1.07E-01	2.66	21	1	1	203	366	19394	11704	16715	24702	21651	45236	40004	51173	3434	33121
AT4G11740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	1.07E-01	2.01	2987	45	44	50702737	50592403	14011056	12779736	14495478	14017004	11389824	10892101	17178089	21122640	8903535	8367530
AT5G06160.1	ATO - splicing factor-related	1.07E-01	1.41	799	15	15	3982429	3568574	2330500	1771711	1748917	1895060	1628471	1476273	2077700	2465204	1824247	1365327
AT3G26400.1	EIF4B1 - eukaryotic translation initiation factor 4B1	1.07E-01	2.63	705	12	8	541662	467746	92496	87426	84472	116191	75436	55175	133411	127147	76097	61419
AT3G04930.1;AT5G28040.1	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	1.07E-01	1.90	145	3	3	310027	268975	88283	92958	70621	104494	61758	72722	122945	118600	54853	62266
AT4G18600.1	WAVE5, ATSCAR-LIKE, SCARL - SCAR family protein	1.07E-01	1.72	43	1	1	1623	2203	792	541	1435	754	662	394	1502	927	378	418
AT3G57890.1;AT3G57890.2	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	1.08E-01	1.19	846	15	14	694363	675986	1136051	883397	970787	819403	659402	649668	710152	758320	784414	804530
AT1G78476.1	unknown protein.	1.08E-01	2.35	21	1	1	114019	103055	24735	19809	21255	32108	10684	15794	31432	36800	23596	15645
AT5G26742.3	emb1138 - DEAD box RNA helicase (RH3)	1.08E-01	1.38	100	2	2	12608	8985	17572	36863	25745	13648	28350	24870	25493	16532	35493	29073
AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	1.08E-01	1.38	504	8	8	87473	77926	265927	210080	209924	227539	235388	258185	166506	249297	295742	285956
AT5G47520.1;AT2G31680.1	AtRABA5a, RABA5a - RAB GTPase homolog A5A	1.08E-01	1.84	111	2	1	172657	151342	47222	58161	78736	43709	83985	47252	51628	61474	20736	34989
AT5G13210.1	Uncharacterised conserved protein UCP015417, vWA	1.08E-01	5.31	52	1	1	25210	18437	1268	3336	1610	1644	1131	401	4180	3717	0	263
AT3G61320.1	Bestrophin-like protein	1.08E-01	8.53	25	1	1	21220	30612	656	3203	1100	757	1306	2784	767	1437	402	48
AT4G26750.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1.09E-01	1.41	35	1	1	9164	21306	37306	30598	26662	27402	38354	50757	27095	27236	30700	40207
AT4G20150.1	unknown protein	1.09E-01	1.60	55	1	1	562	582	5486	4662	3573	6163	4641	5760	4513	3994	7227	7607
AT5G66730.1	C2H2-like zinc finger protein	1.09E-01	2.11	33	1	1	8367	4419	1835	1154	1779	3666	1046	709	1778	2111	3508	889
AT2G18990.1;AT3G25580.1	TXND9 - thioredoxin domain-containing protein 9 homolog	1.09E-01	2.54	109	2	2	37953	81508	16077	11810	12649	9069	5037	12475	14836	21169	4367	8627
ATCG00490.1;AT2G07732.1;ATMG00280.1	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylases	1.10E-01	1.23	3250	42	42	37017129	33773677	71981936	54911946	63653541	54312757	62664569	69747844	50168874	63613521	71886319	69776498
AT5G41100.1;AT5G41100.2	unknown protein	1.10E-01	3.13	35	1	1	5318	6195	4358	1904	2866	287	872	710	1813	1348	547	1387
AT1G20840.1	TMT1 - tonoplast monosaccharide transporter1	1.11E-01	2.87	50	1	1	12757	26063	3198	1526	7897	3771	1824	516	4874	8447	696	2889
AT1G24560.1	unknown protein	1.11E-01	1.52	81	2	2	34060	37057	72695	135667	85195	154153	185513	141746	108952	97860	177951	74317

AT1G20693.1;AT1G20696.1	HMGB2, HMG BETA 1, NFD2, NFD02 - high mobility group B2	1.11E-01	2.62	147	2	2	280033	279963	63428	51075	41818	43996	26268	32100	94904	98644	12650	25536
AT2G31370.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	1.11E-01	3.15	659	10	8	1678669	1604434	186085	224393	231972	323935	95509	121770	355320	388217	247374	139876
AT2G43180.1;AT2G43180.2;AT2G43180.3	Phosphoenolpyruvate carboxylase family protein	1.11E-01	1.23	567	8	8	527335	654985	1197878	1013525	971992	808904	1387037	983742	978505	955241	1026892	1051435
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	1.11E-01	1.25	565	10	10	2384703	2048265	2081914	1656573	2087601	1615548	1598277	3055998	2164192	2930834	2810366	2245543
AT2G38270.1	CXIP2, ATGRX2 - CAX-interacting protein 2	1.11E-01	1.40	161	4	4	44036	60058	172401	184482	162657	135825	231316	180114	155067	133792	169864	195777
AT3G51120.1	DNA binding;zinc ion binding;nucleic acid binding;nucleic acid binding	1.12E-01	1.98	50	1	1	6573	4358	1846	1288	2625	5468	328	919	2543	1513	3541	2363
AT2G27710.1;AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein family	1.12E-01	2.12	1120	13	8	31362050	29841134	7679689	7219254	6761435	8568417	4596817	4277055	13985367	11169308	4635445	4480489
AT5G65770.2;AT5G65780.2	LINC4 - little nuclei4	1.12E-01	1.83	31	1	1	59461	52496	20337	14783	17158	26109	13852	13005	29896	30112	5449	11590
AT2G26990.1	FUS12, ATCSN2, COP12, CSN2 - proteasome family protein	1.12E-01	1.35	454	9	9	843986	911420	585120	824437	1094544	1287145	666922	349220	1022840	763967	694205	621613
AT3G20820.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	1.12E-01	2.03	24	1	1	77091	73737	30875	51206	14458	33115	7722	14239	45045	63093	254	8097
AT1G17890.2	GER2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.13E-01	1.51	26	1	1	5549	18745	23188	9728	31130	29178	23152	19035	30013	44342	24686	35668
AT5G54930.1	AT hook motif-containing protein	1.13E-01	4.44	21	1	1	47370	35039	2293	20305	15522	1798	2006	3467	5677	9749	5413	1209
AT1G31080.1	F-box family protein	1.13E-01	2.47	25	1	1	62979	41500	8926	7209	13197	15174	8918	4207	23517	17861	923	4777
AT4G12610.2	RAP74, ATRAP74 - transcription activators;DNA binding;RNA polymerase II transcription factors;catalytics;transc	1.14E-01	13.13	110	2	1	64980	51893	21	1053	0	4533	494	0	0	8838	0	0
AT3G03380.1	DegP7 - DegP protease 7	1.14E-01	1.65	155	2	2	516	1562	8439	18155	10110	6258	10133	10117	10309	7976	19621	16220
AT5G08540.1	unknown protein	1.15E-01	1.89	248	4	4	1184010	1111658	373278	339068	350720	301053	176938	280296	354688	546417	316140	259456
AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	1.15E-01	1.22	791	14	10	851366	773338	656499	612318	543362	452461	1057589	901353	644884	746599	727435	683832
AT3G09560.1	ATPAH1, PAH1 - Lipin family protein	1.15E-01	1.79	215	3	3	388289	332361	120559	87130	126563	200307	95993	89458	163905	164896	108030	78547
AT3G58630.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	1.15E-01	5.08	37	1	1	17990	21740	1795	1379	861	1620	664	428	2570	3950	963	350
AT5G50950.1;AT5G50950.3	FUM2 - FUMARASE 2	1.15E-01	1.57	433	9	5	75334	76878	364090	284287	223553	230465	281279	432215	236144	164425	451942	403451
AT1G06060.1	LisH and RanBPM domains containing protein	1.16E-01	1.76	30	1	1	752	913	11181	7266	4667	5637	5347	9976	5984	6936	19261	6092
AT5G11730.1	Core-2/I-branching beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase family protein	1.16E-01	2.06	21	1	1	554993	399145	133053	96887	119508	179880	92885	89803	199756	181325	62970	94667
AT1G65540.1	LETM1-like protein	1.16E-01	2.05	156	4	4	112287	104907	47676	20501	31257	26344	17082	17784	29136	59345	23397	20937
AT1G55300.1	TAF7 - TBP-associated factor 7	1.16E-01	2.64	24	1	1	86998	79181	12308	9774	21212	21978	9736	11641	10578	33575	6983	15117
AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.16E-01	2.57	127	2	1	2761	26	2311	5445	2700	2012	6044	1527	9780	6246	5157	10397
AT1G11720.2	SS3 - starch synthase 3	1.16E-01	1.22	1354	27	25	790132	692888	1353377	1294214	1361573	1177741	1541670	1594484	1185384	1186773	1390703	1251621
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	1.16E-01	1.68	875	18	3	709897	798682	426635	186130	398379	302878	364704	196037	501455	242667	200002	179850
AT2G37710.1	RLK - receptor lectin kinase	1.16E-01	2.13	47	1	1	577	6214	2746	1765	1398	2160	3784	0	0	915	1495	789
AT3G24430.1	HCF101 - ATP binding	1.16E-01	1.37	1095	21	19	587413	584584	1735062	1648021	1362047	1171057	1575222	2016858	1113864	1315787	1976480	1682887
AT1G07920.1;AT1G07930.2;AT5G60390.2	GTP binding Elongation factor Tu family protein	1.16E-01	1.26	1391	24	24	4872037	4581409	11287034	7693068	9629228	7469718	10289293	10024757	7451306	8629863	11469917	9482896
AT1G15140.1	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	1.16E-01	1.62	39	1	1	444	311	4568	2211	4314	1977	6347	3907	2114	2729	3680	3561
AT1G03760.1	Prefoldin chaperone subunit family protein	1.17E-01	2.63	390	9	9	777813	676954	109641	119517	114873	196830	77273	97430	202783	249855	65173	66281
AT5G23120.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	1.17E-01	1.21	199	4	4	261351	272696	362546	238464	288744	256783	257335	303194	276969	362183	445228	384634
AT1G47510.1	AT5PTASE11, 5PTASE11 - inositol polyphosphate 5-phosphatase 11	1.17E-01	1.48	24	1	1	11145	11190	18760	7994	13289	7351	13185	10301	15439	12026	29809	22604
AT3G10380.1	SEC8, ATSEC8 - subunit of exocyst complex 8	1.18E-01	1.50	137	3	3	90538	105644	34492	44865	58098	50864	52328	31749	53089	57583	31016	30900
AT1G79890.1	RAD3-like DNA-binding helicase protein	1.18E-01	1.41	45	2	2	20200	8669	32466	11281	19631	15804	26675	19639	17600	18906	38024	31650
AT3G14415.1;AT3G14415.2	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.18E-01	1.44	2990	41	16	1589942	1479354	6274707	5925569	5986194	4050531	7891013	6610033	4614884	4133020	6966846	6261564
AT4G17370.1	Oxidoreductase family protein	1.19E-01	1.73	21	1	1	60938	78819	35394	127976	73486	95626	45932	99735	167399	99176	211578	195118
AT1G68010.1;AT1G68010.2	HPR, ATHPR1 - hydroxypyruvate reductase	1.19E-01	1.40	303	7	6	52102	68242	277152	229321	253976	149069	224937	266904	193775	208494	296797	254187
AT5G19220.1;AT1G27680.1	ADG2, APL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	1.19E-01	1.21	1033	18	18	518419	649617	1135735	948617	1059132	760539	899178	1229593	949666	1076580	996576	999992
AT1G53430.1;AT1G07570.1;AT1G53430.2;AT4G	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase	1.19E-01	3.12	123	2	1	21222	18854	1821	2986	2271	1746	1828	0	6490	5892	1447	0
AT5G60980.1;AT5G60980.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	1.19E-01	1.37	809	12	12	2151929	2156139	1555731	1039586	1338471	990410	946537	1010020	1402796	1565836	934983	896517
AT3G05350.1	Metallopeptidase M24 family protein	1.20E-01	1.39	368	9	9	101933	111514	304208	321415	349216	298545	351861	326503	315166	234598	456241	376910
AT5G45510.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	1.20E-01	1.27	250	6	5	100831	104194	63940	51897	72741	77138	45638	73010	66114	71258	51049	62469
AT4G39680.1	SAP domain-containing protein	1.20E-01	2.46	152	4	4	142200	106011	37437	17583	29657	19338	21162	10226	55442	31842	6505	17946
AT1G11790.1	ADT1 - arogenate dehydratase 1	1.21E-01	1.43	264	4	1	27686	30766	19318	44436	21904	52017	51563	43098	32175	26286	65788	61505
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	1.21E-01	1.41	159	3	3	12503	10306	37661	25660	32196	13880	40517	36676	23356	32190	34426	18864
AT5G16730.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	1.21E-01	1.92	212	5	3	56764	39347	14766	20576	10298	14292	9896	8566	20898	18537	12824	10680
AT1G09020.1	SNF4, ATSNF4 - homolog of yeast sucrose nonfermenting 4	1.22E-01	1.41	311	7	7	83943	76956	164779	164569	159340	155472	218677	163987	124667	146478	320634	160033
AT2G27020.1	PAG1 - 20S proteasome alpha subunit G1	1.22E-01	1.32	114	1	1	41746	45803	108819	93319	49790	84929	92293	134022	67672	84877	80975	101776
AT5G17920.1;AT2G43800.1;AT5G20980.1	ATCIMS, ATMETS, ATMS1 - Cobalamin-independent synthase family protein	1.22E-01	1.38	1197	18	8	255071	201647	665697	633525	661034	642223	960482	628593	608433	500483	768279	765356
AT1G54060.1	ASIL1 - 6B-interacting protein 1-like 1	1.22E-01	1.56	192	4	4	271928	287644	152458	102775	118327	126745	59493	86818	138810	171336	164220	60612
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	1.22E-01	1.39	167	2	2	129493	99922	149330	214427	315833	259022	330823	169953	269382	184924	324238	348910
AT1G42480.1	unknown protein	1.22E-01	1.85	456	7	5	352133	250744	136525	63522	98941	104112	89473	98018	96839	109293	70668	80051
AT4G36630.1	EMB2754 - Vacuolar sorting protein 39	1.22E-01	3.37	43	1	1	8885	12092	1987	4103	5463	2511	0	742	4648	1437	2133	1443
ATCG00360.1	YCF3 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.23E-01	1.50	23	1	1	796	805	2942	4356	1116	3636	3721	3589	5013	1663	3369	3137
AT3G28290.1	AT14A - Protein of unknown function (DUF677)	1.23E-01	1.45	69	1	1	4571	2858	4632	10458	13445	2305	5847	10793	12234	12859	6914	7032
AT3G20000.1	TOM40 - translocase of the outer mitochondrial membrane 40	1.23E-01	1.44	164	5	4	13914	20690	81621	68060	65917	77941	60177	90402	67972	68667	92073	92203
AT5G14060.1;AT3G02020.1	CARAB-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	1.23E-01	1.59	146	4	3	5618	10755	37513	31030	27817	36201	38889	54563	22255	23320	46720	50577
AT3G09200.1;AT3G09200.2	Ribosomal protein L10 family protein	1.23E-01	2.08	1887	26	8	11375838	11075381	3071981	2340705	3271420	2595854	1913211	1504449	5253327	3827803	2142535	1613568
AT4G01430.1	nodulin MtN21 /EamA-like transporter family protein	1.23E-01	1.67	28	1	1	5857	3384	20125	12430	50799	49797	22261	45676	17080	31324	57934	62979
AT3G55620.1	emb1624 - Translation initiation factor IF6	1.23E-01	1.38	27	1	1	6155	7925	5826	8660	14855	25221	19020	15161	18382	10424	20643	11169
AT1G05055.1	ATGTF2H2, GTF2H2 - general transcription factor II H2	1.24E-01	3.78	30	1	1	22663	17345	1271	1630	4037	2854	263	4012	3218	4502	1182	13
AT1G79050.1	recA DNA recombination family protein	1.24E-01	1.47	24	1	1	1330	1123	7592	6115	13004	17813	11318	10230	13528	8274	15726	10195
AT3G14420.1;AT3G14420.3;AT3G14420.4;AT3G	Aldolase-type TIM barrel family protein	1.24E-01	1.39	2684	43	18	1435076	1330173	4427785	4510868	3882882	2762953	4892971	5096237	2649928	3479692	4700982	4689002
AT3G28780.1	Protein of unknown function (DUF185)	1.25E-01	1.59	30	1	1	1684	3714	4564	10474	8643	12245	8137	9831	11725	5257	19082	11880
AT5G52310.1;AT5G52300.1	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein 2	1.26E-01	1.64	7167	87	84	324668883	319101745	126524798	104089168	127252417	118889394	98819166	85332193	159125923	167899271	97410346	75725671
AT1G31440.1	SH3 domain-containing protein	1.26E-01	1.93	47	1	1	16432	16884	3503	7088	4551	5501	3174	1761	7105	7075	5900	2885
AT3G44590.1	60S acidic ribosomal protein family	1.26E-01	1.89	361	6	5	2536240	2155865	901639	482483	789566	724939	448344	605155	840098	989517	606390	530095
AT2G32730.1;AT1G04810.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	1.26E-01	1.13	638	12	12	522479	475371	637190	561768	653059	582858	410550	606118	469850	573260	511423	454921
AT5G65720.1;AT5G65720.2	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	1.27E-01	1.51	94	3	3	18987	21335	69086	89195	82386	69757	92783	94273	51119	57820	118805	115771
AT5G06970.1	Protein of unknown function (DUF810)	1.27E-01	3.03	188	3	3	297276	214582	50788	24077	42719	46142	37272	32726	37935	48389	35412	31332
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	1.27E-01	1.19	3621	59	44	4504908	4358190	8391382	6885962	7424940	6758273	8276136	8025004	6634710	6891239	8488870	7212001
AT1G50120.1	unknown protein	1.28E-01	1.61	51	1	1	12548	19241	10704	6731	7642	4265	1598	3054	13635	13675	3080	2972
AT5G12110.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	1.28E-01	3.91	227	4	1	29637	29517	1959	5405	4925	1106	538	352	4594	11283	0	1788
AT4G04910.1	NSF - AAA-type ATPase family protein	1.28E-01	2.00	65	1	1	453	1144	5455	9199	7440	8373	17820	7333	7286	2764	15441	13601
AT5G55670.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.28E-01	2.32	169	3	3	200885	205764	43786	29236	46044	40273	13263	22264	106944	57559	13423	30938
AT2G21385.1;AT2G21385.4	unknown protein	1.28E-01	1.35	89	3	3	29581	20829	61505	41719	37081	55242	81985	55551	50261	51396	34690	57388
AT3G54530.1	unknown protein	1.28E-01	1.43	33	1	1	9840	9847	21605	14452	16297	8671	13473	12776	13890	22937	19278	32935
AT2G44490.1	PEN2, BGLU26 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	1.28E-01	1.90	307	8	7	97297	110152	440535	345832	398575	405345	162964	119186	161658	155995	187659	158227
AT3G57180.1	BPG2 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.29E-01	2.01	36	1	1	24857	22832	10001	3167	10992	10724	4099	5846	12015	8486	7190	3480
AT5G60540.1	EMB2407, ATPDX2, PDX2 - pyridoxine biosynthesis 2	1.29E-01	1.35	249	5	5	163628	162332	342807	235858	287627	183460	346132	462024	184863	237888	323863	301770
AT2G42740.1;AT3G58700.1	RPL16A - ribosomal protein large subunit 16A	1.29E-01	1.25	204	5	5	117223	92746	160069	166332	93851	133563	170172	148326	119772	124607	216581	175657
AT5G65950.1	unknown protein	1.29E-01	1.25	105	3	3	39342	35339	35225	70341	73712	80706	62839	76028	63138	68563	63316	83625
AT3G49601.1	unknown protein	1.29E-01	4.17	37	1	1	10502	6534	2168	1300	938	985	419	2141	568	818	0	1437
AT4G13520.1	SMAP1 - small acidic protein 1	1.29E-01	3.95	53	1	1	624984	687108	48460	43468	66035	75930	6918	32544	137463	154158	32333	27737
AT2G03670.1	CDC48B - cell division cycle 48B	1.30E-01	2.61	22	1	1	864918	734182	225760	77537	141125	167997	82211	67725	315583	259435	13700	107481
AT3G03250.1	UGP, UGP1, AtUGP1 - UDP-GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1	1.30E-01	1.74	30	1	1	1188	461	14965	6392	19204	15978	16090	5949	19859	11918	25970	21344
AT3G45030.1;AT3G47370.1	Ribosomal protein S10p/S20e family protein	1.30E-01	1.25	124	3	3	140041	137142	224547	149942	147146	122911	105059	146928	116735	172874	119669	74894
AT4G31990.1;AT4G31990.4	ASP5, AAT3, ATAAT1 - aspartate aminotransferase 5	1.30E-01	3.18	114	3	3	24174	14341	40048	26152	32022	20487	66902	43223	16581	31099	304874	36753
AT1G64920.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.31E-01	2.04	26	1	1	1102	7576	17073	21004	11080	11487	22685	17912	13165	7056	39768	40667
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	1.31E-01	1.67	283	6	6	1296283	1196183	538346	345299	577155	440526	253041	208868	735694	731515	362636	337891
ATCG00800.1	structural constituent of ribosome	1.31E-01	1.27	1026	14	11	1109904	929407	1472008	1679136	1726480	2070126	1958284	2411115	1523321	1332360	2347512	1876990
AT5G01650.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	1.31E-01	1.38	74	2	2	6979	9368	42921	30371	34514	22855	27005	32197	30900	35397	38408	38663
AT1G52510.1;AT1G52510.2	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.31E-01	1.42	357	5	5	112379	104634	440534	303250	345608	259708	440361	452121	306951	210575	447998	367818

AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	1.31E-01	2.01	1139	20	20	3345613	3356859	1021411	716974	858236	891203	770535	648194	1317067	1190342	573257	561081
AT5G18230.1;AT5G18230.2	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	1.32E-01	1.21	402	7	7	411059	447088	321652	267303	351637	334183	267921	227517	428872	244433	276180	323874
AT3G59040.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.32E-01	3.29	29	1	1	10210	243	4501	2593	3447	4706	20422	9153	3502	2204	42492	6704
AT5G61500.1	ATATG3, ATG3 - autophagy 3 (APG3)	1.32E-01	2.11	75	2	2	44827	50978	10586	8214	14691	16747	9865	10712	12661	11918	16599	7443
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone GrpE family protein	1.32E-01	2.40	574	10	9	1571367	1211678	328877	224832	238941	342473	171474	184655	420197	408145	273536	175139
AT3G42660.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.33E-01	1.42	22	1	1	4139	7103	19115	9431	20593	20014	11892	16932	15804	26170	21748	21961
AT2G02480.1	STI - AAA-type ATPase family protein	1.33E-01	1.51	52	2	2	106899	74483	58407	25560	57959	73441	37988	36475	60201	50566	37822	39418
AT2G26390.1	Serine protease inhibitor (SERPIN) family protein	1.33E-01	1.34	33	1	1	8075	5197	7554	4632	5769	3443	3125	3858	6205	5949	3224	3469
AT3G15360.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	1.33E-01	1.56	28	1	1	160	624	7883	6486	8621	4224	6826	6653	8607	8831	5797	6887
AT3G52140.1	tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	1.34E-01	1.49	102	2	2	29719	27547	68652	41896	71115	29818	30072	21110	24779	39498	45560	19514
AT2G21160.1;AT2G21160.2	Translocon-associated protein (TRAP), alpha subunit	1.34E-01	2.10	107	2	2	89408	13326	85869	61662	61433	21199	10395	39634	16179	32347	39194	21141
AT1G61520.1	LHCA3 - photosystem I light harvesting complex gene 3	1.34E-01	1.32	98	2	2	268915	302584	924166	528809	764243	504078	710718	953625	594107	760179	808309	524392
AT1G20970.1	unknown protein	1.34E-01	5.29	344	7	7	591702	557025	33472	31942	31160	46361	19459	23396	80671	94933	14563	10957
AT1G27970.1;AT1G27970.2	NTF2B - nuclear transport factor 2B	1.34E-01	1.26	695	10	10	1381020	1396108	3035468	3163476	2913916	2625717	3104496	3594491	2794963	2341239	3296162	3116422
AT4G16146.1	AMSH3 - associated molecule with the SH3 domain of STAM 3	1.34E-01	1.60	21	1	1	5073	2216	7543	20482	9599	2326	17620	21859	7147	7065	7460	14365
AT3G51260.1;AT5G66140.1	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	1.34E-01	1.32	183	4	4	114518	91318	218324	256528	197876	147385	244202	263842	171465	148036	275883	252438
AT3G12930.1	Lojap-related protein	1.35E-01	1.39	229	5	5	143487	168644	626646	508291	569866	586244	679563	455299	544429	523132	787634	615686
AT1G72390.1	unknown protein	1.35E-01	5.10	27	1	1	35728	26668	2759	4359	4077	5029	0	2461	2296	5961	1973	2733
AT3G52230.1	unknown protein	1.35E-01	1.79	153	2	2	2045660	1914695	610749	579889	506215	860657	432907	566132	806358	896696	426510	502758
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.35E-01	1.22	357	9	8	233014	220314	388506	364826	342860	372154	476123	352888	380764	288446	458843	378936
AT2G16600.1	ROC3 - rotamase CYP 3	1.36E-01	1.49	33	1	1	1842	13073	10667	11587	15840	18187	12791	15605	22240	19306	20638	15172
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	1.36E-01	1.21	772	16	16	700748	671570	373761	502779	455324	496222	394862	428624	461298	484096	480391	399075
AT2G44410.1	RING/U-box superfamily protein	1.36E-01	2.22	26	1	1	224107	179196	48906	34177	42464	83473	47121	32008	80003	74493	8091	34608
AT5G09390.1	CD2-binding protein-related	1.36E-01	1.92	277	6	5	1261089	1168685	323831	326601	322366	362475	215830	243609	352111	451236	472596	229849
AT2G37550.1;AT3G53710.1	ASP1, AGD7 - ARF-GAP domain 7	1.36E-01	1.54	51	2	2	10231	9625	10545	4935	5804	3288	3877	3581	7808	3689	2661	7227
AT2G11000.1	ATMAK10, MAK10 - MAK10 homologue	1.37E-01	2.67	24	1	1	1531	1440	13037	9330	11050	7189	161	1189	3346	5252	3356	3031
AT3G53990.1;AT3G53990.2	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	1.37E-01	1.36	168	3	3	110921	160472	542850	420144	397189	255317	480655	514524	281172	403851	419824	462582
AT1G35720.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	1.37E-01	1.10	386	7	7	265978	234270	276432	212838	256003	234520	204965	227172	245341	233447	185740	247204
AT2G02740.1	ATWHY3, PTAC11, WHY3 - ssDNA-binding transcriptional regulator	1.37E-01	1.39	426	8	7	157999	163020	625841	507495	632216	435669	710262	632528	538208	364145	717379	553051
AT4G05180.1	PSBQ, PSBQ-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	1.37E-01	1.30	155	3	3	97938	95324	220594	172802	145397	89249	278915	147188	155094	184871	141475	163302
AT4G17170.1	AT-RAB2, ATRABB1C, ATRAB2A, RAB2A, RABB1C, ATRAB-B1B, RAB-B1B - RAB GTPase homolog B1C	1.38E-01	1.31	88	1	1	80005	59436	82991	60297	79162	39686	91684	37322	42225	54814	40690	40694
AT1G21750.1	ATPDIL1-1, ATPDI5, PDI5, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	1.38E-01	1.22	91	3	3	94419	117059	147150	109132	106647	73128	100461	83763	79120	79743	115167	71679
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	1.38E-01	1.24	539	11	11	1811267	1687420	4189779	2850041	3441717	2683060	4097001	4008627	2708272	3464312	3004100	3392376
AT5G38480.1;AT5G38480.2	GRF3, RCI1 - general regulatory factor 3	1.39E-01	1.13	924	16	10	823912	712110	888945	1116274	921664	1168382	982385	1109538	1214249	1061880	1053983	951223
AT3G01390.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	1.39E-01	1.40	116	2	2	39993	32431	39532	16581	29942	21616	17234	18750	46384	24323	10655	10939
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	1.39E-01	1.42	770	12	10	2799644	2382185	1099316	1181345	1319479	1228314	832505	1135388	1307227	1220644	1129965	1441704
AT1G29370.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	1.39E-01	3.38	961	18	2	317679	366444	36328	35927	37672	56453	30509	28718	48255	90647	22767	30886
AT3G56860.1;AT2G41060.1	UBA2A - UBP1-associated protein 2A	1.40E-01	2.66	448	7	7	558693	514873	72274	63890	104413	114594	44615	65328	154345	187941	32468	52563
AT1G47200.1;AT5G43070.1	WPP2 - WPP domain protein 2	1.41E-01	1.11	418	6	6	406518	344967	340264	355579	328481	296302	337334	315318	333246	343493	290738	252163
AT1G68730.1	TADA, ATTADA - tRNA arginine adenosine deaminase	1.41E-01	1.37	88	2	2	24374	29892	29382	18035	13413	26529	23435	16951	20637	17058	7647	17832
AT5G35530.1	Ribosomal protein S3 family protein	1.41E-01	1.33	196	4	1	26829	31572	72991	52389	48080	32038	83173	63804	38677	48703	46703	68648
AT3G60340.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1.42E-01	1.31	75	1	1	12104	6972	11402	13234	12374	8292	12275	6916	9395	9941	4074	6486
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	1.42E-01	1.20	1624	30	30	4060788	3987725	7907118	6918934	6974797	5976764	7692934	7614891	5961290	6120545	7922057	7577758
AT5G42070.1	unknown protein	1.42E-01	1.29	26	1	1	7375	3868	9608	11409	10603	12111	10496	8858	11833	11560	12334	16048
AT1G53470.1	MSL4 - mechanosensitive channel of small conductance-like 4	1.42E-01	1.36	55	2	1	535142	563269	921728	807846	677753	354047	304471	715200	451544	605842	389963	376155
AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	1.43E-01	2.14	104	3	3	434701	426125	83121	95236	90351	132359	60990	65341	146302	172223	93925	51382
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	1.43E-01	2.88	277	5	5	743880	670933	78074	76365	105787	182574	54387	48231	198999	214985	71028	57578
AT1G73230.1	Nascent polypeptide-associated complex NAC	1.43E-01	1.91	54	1	1	23416	34090	5067	11916	10812	8319	8457	6637	15257	7701	5194	5815
AT5G47390.1	myb-like transcription factor family protein	1.44E-01	1.81	125	2	2	102752	126190	65584	35394	47978	22138	18716	51103	41605	75217	19103	15671
AT1G75990.1	PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	1.44E-01	1.54	327	7	2	9809	15377	38137	28467	21404	15431	13643	16438	12648	8326	16319	16307
AT1G06400.1	ARA2, ATRABA1A, ATRAB11E, ARA-2 - Ras-related small GTP-binding family protein	1.44E-01	1.99	229	5	1	68783	17045	9114	21212	17569	22121	877	14163	32080	14153	8948	7956
AT2G30520.1;AT3G49970.1	RPT2 - Phototropic-responsive NPH3 family protein	1.45E-01	1.41	92	3	2	7673	7591	22998	16392	24055	17862	37413	25340	14739	21345	20478	16752
AT1G52320.2;AT1G52320.1	unknown protein	1.45E-01	2.96	78	2	2	180952	172546	21309	27654	25002	26343	19601	18254	39432	43138	13918	19190
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	1.45E-01	1.25	210	5	5	76829	66365	78342	124108	121996	96630	139394	134991	79752	90787	128335	129967
AT4G03280.2;AT4G03280.1	PETC, PGR1 - photosynthetic electron transfer C	1.45E-01	1.91	28	1	1	3404	2539	25106	25138	36093	24308	61520	12028	33516	14857	59042	41524
AT5G53400.1	BOB1 - HSP20-like chaperones superfamily protein	1.46E-01	Infinity	21	1	1	615	1450	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT4G21660.1;AT1G11520.1	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	1.46E-01	4.83	818	18	2	68945	124547	9126	14293	6251	4505	10249	3706	9961	13860	4300	5107
AT2G27820.1	PD1, ADT3 - prephenate dehydratase 1	1.46E-01	1.28	333	4	2	27553	28044	59192	48419	68200	72166	75329	65719	63826	44088	66416	72586
AT5G55100.2	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	1.47E-01	6.75	30	1	1	282	451	0	0	0	591	1050	4769	417	1448	0	1253
AT3G22380.1	TIC - time for coffee	1.47E-01	2.18	160	3	3	382298	429331	123310	64576	81317	117284	82551	73282	107047	139401	71967	76056
AT4G21105.1	cytochrome-c oxidases;electron carriers	1.47E-01	1.47	46	1	1	2776	2429	9370	13864	11080	22422	13169	8638	23265	14726	19095	11962
AT2G28360.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.47E-01	3.15	166	4	4	208114	255054	17586	28048	30899	48572	14373	19905	65244	55301	19432	12317
AT1G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	1.47E-01	1.93	375	8	8	726704	558395	243917	129111	167454	191627	155505	125041	251875	227843	154626	132116
AT2G22450.1	riboflavin biosynthesis protein, putative	1.48E-01	1.33	78	1	1	70678	37110	25737	30006	12183	24847	31745	36729	39966	59847	53716	44560
AT3G11070.1	Outer membrane OMP85 family protein	1.48E-01	2.77	93	2	2	282323	237586	36317	32389	35630	63714	27337	34270	57342	82896	19768	26879
AT1G55280.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	1.48E-01	1.36	42	1	1	10541	12756	14227	14963	14763	5740	7284	7847	8182	12862	10714	6911
AT3G06483.1	PDK, ATPDHK - pyruvate dehydrogenase kinase	1.48E-01	1.28	363	9	9	261833	328733	687040	519819	467049	428966	864501	478448	478875	459058	622142	540463
AT1G06510.1	unknown protein	1.48E-01	1.57	64	2	1	5466	6520	1861	13140	4042	9645	6036	4846	13266	10023	16013	13858
AT1G12840.1	DET3, ATVHA-C - vacuolar ATP synthase subunit C (VATC) / V-ATPase C subunit / vacuolar proton pump C subunit	1.49E-01	1.29	553	8	8	340322	424700	513313	693063	671418	614208	706078	901351	552752	427577	830126	783177
AT4G04885.1	PCFS4 - PCF11P-similar protein 4	1.49E-01	1.56	21	1	1	3439	3215	2217	850	1872	3844	535	768	1583	1316	4686	1037
AT5G32470.1	Haem oxygenase-like, multi-helical	1.49E-01	2.26	27	1	1	43158	21900	10149	5764	6278	8975	6509	8981	8246	9587	1360	7879
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	1.49E-01	1.42	346	6	6	353161	428752	2390456	2001250	2289507	1931139	1912525	2458198	1734903	1717340	2791914	2731103
AT5G36001.1	RING/U-box superfamily protein	1.49E-01	1.54	21	1	1	8853	4840	70742	47681	38548	25561	90660	51724	26445	33810	52067	48168
AT3G16370.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.49E-01	1.47	173	2	2	26196	29882	22902	46547	20656	50072	50356	18883	45952	45736	67026	59598
AT3G60020.1	ASK5, SK5 - SKP1-like 5	1.49E-01	5.96	25	1	1	13283	17000	785	1654	1079	667	737	1764	0	428	2272	583
AT1G22450.1	COX6B, ATCOX6B2 - cytochrome C oxidase 6B	1.49E-01	2.10	223	4	4	1025240	945785	193999	245811	197648	266637	155308	142584	414555	364641	125574	164321
AT1G05230.1	HDG2 - homeodomain GLABROUS 2	1.49E-01	4.46	25	1	1	39118	32312	1589	4374	2846	3568	2237	4246	2631	7008	311	2371
AT3G47460.1	ATSMC2 - Structural maintenance of chromosomes (SMC) family protein	1.50E-01	2.41	53	2	1	118250	137170	5411087	3565929	2898734	2161242	8184488	7359191	1040976	995003	9133908	7746798
AT2G03460.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein	1.50E-01	1.37	23	1	1	132801	156478	251811	232575	194937	96528	230239	120661	97204	134195	89516	105040
AT1G69360.1	Plant protein of unknown function (DUF863)	1.50E-01	1.54	25	1	1	49405	38942	119172	87505	118181	105420	237850	140385	116451	76924	161520	67424
AT4G23460.1	Adaptin family protein	1.50E-01	1.41	512	12	3	11462	8527	72395	84763	165609	242118	179576	160808	111005	80239	166379	127478
AT5G57610.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	1.50E-01	1.97	79	2	2	37217	43161	10696	11233	11486	7997	5416	10153	13240	20044	7781	5256
AT1G24230.1	Paired amphipathic helix (PAH2) superfamily protein	1.50E-01	2.55	20	1	1	96013	83081	20368	16135	11166	32057	16853	13630	25756	26909	976	17560
AT5G15450.1;AT4G14670.1	APG6, CLPB3, CLPB-P - casein lytic proteinase B3	1.50E-01	1.28	2035	39	34	1077739	1116623	2762066	2241577	1506278	1134693	2201020	2392564	1439907	1630327	2638832	2323853
AT5G52580.2	RabGAP/TBC domain-containing protein	1.50E-01	1.75	51	1	1	2659	7674	34214	9473	14641	27690	22636	53211	9649	14498	34715	33552
AT2G17560.1	HMGB4, NFD4, NFD04 - high mobility group B4	1.51E-01	Infinity	29	1	1	0	2123	239	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT4G38130.1;AT4G38130.2	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 - histone deacetylase 1	1.52E-01	4.37	172	4	4	663614	510925	32677	41303	45611	53305	19192	27071	99076	123775	13910	25185
AT2G01250.1;AT2G01250.2	Ribosomal protein L30/L7 family protein	1.52E-01	1.17	152	4	4	138207	109361	127270	116090	102787	77763	111415	95699	82361	82159	108656	91603
AT2G45470.1;AT3G60900.1	FLA8, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	1.52E-01	1.31	116	2	2	44354	37254	55125	35304	32549	22622	18824	25182	31263	44074	31868	22776
AT3G13530.1	MAPKKK7, MAP3KE1 - mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	1.53E-01	3.08	347	6	6	357074	304811	30285	29658	49662	69791	18749	27633	87296	93033	21344	24852
AT2G17380.1	unknown protein	1.53E-01	4.80	48	2	2	1475	1791	3796	176	2582	8931	1532	3234	6345	5304	69715	3880
AT1G12230.1;AT1G12230.2	Aldolase superfamily protein	1.54E-01	1.24	390	8	8	366832	346709	369920	470973	337770	426131	519017	663969	289007	458273	445170	489962
AT2G14120.1	DRP3B - dynamin related protein	1.54E-01	1.54	531	10	5	29101	28189	79987	109513	132741	151782	223245	90637	112755	65847	169481	154429
AT5G65683.1	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	1.54E-01	2.07	21	1	1	13606	11966	9990	43607	52777	13725	11971	2101	12034	16611	14952	12734
AT2G07698.1;ATMG01190.1	ATPase, F1 complex, alpha subunit protein	1.54E-01	1.25	2090	35	30	3879694	3270743	9514493	7749189	7994412	6311865	9917471	7688154	6679144	7244411	8107482	8680165

AT4G20110.1	VSR7, VSR3;1, BP80-3;1 - VACUOLAR SORTING RECEPTOR 7	1.55E-01	1.25	20	1	1	106376	79945	140551	83515	121534	169009	108033	84539	99188	95014	80350	91390
AT5G10060.1	ENTH/VHS family protein	1.55E-01	1.22	26	1	1	11909	10653	17031	15479	17175	21197	19197	24474	13155	18907	17407	20542
AT2G25120.1	Bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein	1.55E-01	1.41	24	1	1	1502	2722	8261	7221	10947	9818	9901	10624	6296	7324	12729	10218
AT5G60640.1;AT5G60640.2;AT5G60640.3	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	1.55E-01	2.13	765	14	14	5224465	5029860	1122490	1070601	956869	1474720	697512	868169	1724460	2032614	829261	836411
AT4G32770.1	VTE1, ATSDX1 - tocopherol cyclase, chloroplast / vitamin E deficient 1 (VTE1) / sucrose export defective 1 (SXD1)	1.55E-01	1.41	402	8	8	123042	77859	219340	223527	239926	182227	450017	263525	164194	211100	228882	184473
AT1G07310.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	1.55E-01	1.31	25	1	1	84240	54101	34083	36581	48047	43007	41454	28781	49278	36561	40116	32988
AT1G61040.1	VIP5 - plus-3 domain-containing protein	1.56E-01	3.86	76	1	1	10257	7731	1074	391	2847	1129	866	396	1183	1353	1377	900
AT3G18240.1	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	1.56E-01	1.60	514	12	7	171445	205005	70209	66563	86691	65760	66111	26554	100575	77228	80816	64155
AT2G15860.1	unknown protein	1.56E-01	1.56	217	4	4	293724	291076	70487	149677	177442	217218	98286	132295	173283	150626	112763	103623
AT5G42020.1;AT5G42020.2	BIP, BIP2 - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.56E-01	3.59	804	15	1	222539	201850	81952	39307	63986	129287	24411	22230	66402	65757	0	26767
AT4G36810.1	GGPS1 - geranylgeranyl pyrophosphate synthase 1	1.57E-01	1.43	22	1	1	2503	2388	8938	22668	13816	21807	13123	14668	28902	17531	16606	12244
AT1G07890.1	APX1, MEE6, CS1, ATAPX1, ATAPX01 - ascorbate peroxidase 1	1.57E-01	1.27	95	3	3	68607	57292	114877	105471	115492	107373	133431	111617	131172	83780	169669	93957
AT5G64860.1	DPE1 - disproportionating enzyme	1.57E-01	1.42	64	2	2	1740	6432	5595	20918	16550	19074	20662	11281	15075	12209	19503	21434
AT3G16470.3	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	1.57E-01	1.23	109	1	1	21094	14966	22882	33513	21191	24049	20697	18736	22437	15412	18719	16241
AT2G47910.1	CRR6 - chlororespiratory reduction 6	1.57E-01	1.47	77	2	2	1577	1681	15068	25500	18076	16920	18152	11616	17914	16831	28713	22434
AT5G01900.1	WRKY62, ATWRKY62 - WRKY DNA-binding protein 62	1.58E-01	3.93	21	1	1	2403	1104	1946	2812	1225	0	5662	8289	5235	4128	411	13549
AT1G15730.1	Cobalamin biosynthesis CobW-like protein	1.58E-01	1.38	262	5	4	84187	92776	233286	260866	189071	157825	139477	363545	173786	211169	263107	253677
AT2G38040.1	CAC3 - acetyl Co-enzyme a carboxylase carboxyltransferase alpha subunit	1.58E-01	1.52	4085	56	56	37643731	34236817	16880360	12947086	13101460	14385374	11673787	12420580	17864299	20123196	12967964	9723069
AT4G02580.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 24 kDa subunit, putative	1.58E-01	1.50	113	1	1	19364	21095	41811	25267	25333	10176	10368	7131	10483	29309	23181	15095
AT5G09900.1;AT5G09900.2;AT5G09900.3;AT5G(	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	1.59E-01	1.47	435	10	9	230770	256680	672005	555530	675613	481504	315661	376000	285386	344114	334662	301053
AT1G15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	1.59E-01	1.26	61	2	2	20381	16844	14977	34174	16377	12131	16976	24593	23034	24735	20601	35312
AT3G25520.1;AT3G25520.2	ATL5, PGY3, OLI5, RPL5A - ribosomal protein L5	1.60E-01	2.04	1585	26	3	9620868	8561591	2394603	2443052	1746706	2094631	1457561	1885910	2924631	3855252	1421600	1647008
AT1G67140.1	SWEETIE - HEAT repeat-containing protein	1.60E-01	3.13	438	8	7	2037471	1573044	168395	191447	276702	331464	166077	213149	357989	436860	106599	183552
AT5G39830.1	DEGP8, DEG8 - Trypsin family protein with PDZ domain	1.60E-01	1.47	75	2	2	7026	18281	53507	52921	40017	36833	41588	73134	28065	48812	67838	46908
AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-containing protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1.60E-01	1.99	461	8	8	585132	600377	132578	156412	142314	149759	147592	124946	182605	219939	123773	87044
AT3G18190.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.60E-01	1.32	316	8	8	148323	128025	297227	375864	371559	383848	430390	339228	355817	239976	476686	399798
AT1G70820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	1.61E-01	1.28	249	4	4	47247	38230	74003	69611	84397	149345	103623	71775	109545	76676	122821	106050
AT2G17390.1	AKR2B - ankyrin repeat-containing 2B	1.61E-01	1.39	131	4	3	72007	74714	35495	38526	36257	50255	48721	39672	110378	94619	67670	66227
AT1G56330.1	SAR1, ATSAR1, ATSARA1B, ATSAR1B, SAR1B - secretion-associated RAS 1B	1.61E-01	1.38	539	11	2	17656	18083	26081	24753	41808	42682	18254	17601	33486	18388	17012	19586
AT3G15930.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.61E-01	1.63	22	1	1	15218	7642	8394	17950	26164	29310	7648	3593	22388	12968	9132	8638
AT2G27720.1;AT2G27720.2	60S acidic ribosomal protein family	1.61E-01	1.74	1227	16	11	32885366	30939164	8665175	10423884	9247587	11138646	8850220	6742677	15080611	12957923	8082343	7753837
AT3G50590.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.61E-01	1.32	95	2	2	141063	115623	119004	69554	95474	103743	72313	43729	160721	82467	29795	98416
AT5G16880.1;AT5G16880.3	Target of Myb protein 1	1.62E-01	1.09	665	12	11	660599	694131	583037	764587	677551	604655	717488	601509	621767	527379	600718	587430
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-l-glutamate kinase	1.62E-01	1.31	332	5	5	105144	104826	259669	217337	204124	124217	210951	243616	257336	122035	267441	228602
AT3G58510.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	1.62E-01	1.43	22	1	1	1807	1684	1464	4955	6799	3159	4463	3768	5246	2171	5738	7030
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding to TOMV RNA 1L (long form)	1.62E-01	1.58	74	2	2	18557	15993	9018	11241	7757	3220	8646	9393	18995	19008	32816	15071
AT5G17690.1	TFL2, LHP1 - like heterochromatin protein (LHP1)	1.62E-01	5.86	149	2	2	130053	87350	13486	3561	5771	6541	8795	7905	10708	8547	591	5575
AT5G35360.3;AT5G35360.1;AT5G35360.2	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	1.62E-01	1.16	1743	33	31	4916124	4646320	8777777	7371952	7875332	5904102	9198707	7459654	6811890	7176794	7985161	7282679
AT4G28030.2;AT4G28030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	1.62E-01	1.35	86	2	2	31972	54971	182792	157703	145754	115783	183031	199059	118039	128388	131219	171789
AT5G19320.1	RANGAP2 - RAN GTPase activating protein 2	1.62E-01	1.71	135	3	3	168842	279458	63000	79464	79856	99822	70701	16224	126874	116984	62505	57125
AT4G14150.1	PAKRP1, KINESIN-12A - phragmoplast-associated kinesin-related protein 1	1.63E-01	4.04	20	1	1	326	207	1765	1249	4487	4604	26746	2385	14618	540	5212	1568
AT3G54760.1	dentin sialophosphoprotein-related	1.63E-01	2.02	1195	21	20	4402175	4503169	1064146	779147	1065929	1202201	492671	613860	1917544	2117227	622453	674812
AT3G10530.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.63E-01	2.32	20	1	1	1017	1471	4377	874	1084	0	1467	3101	2904	3971	7093	1948
AT4G08140.1	unknown protein	1.63E-01	1.35	93	2	1	6405	7577	2450	0	0	0	1855	2165	433	747	6666	336
AT1G78820.1;AT1G78830.1	D-mannose binding lectin protein with Apple-like carbohydrate-binding domain	1.63E-01	1.34	78	1	1	3574	5994	13549	16683	13362	14592	14574	13021	10296	16404	19659	16915
AT1G06190.1;AT1G06190.2	Rho termination factor	1.63E-01	2.33	403	8	8	2357381	2098909	438211	334516	405885	572070	353851	350012	622787	770618	238258	330423
AT1G06070.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	1.63E-01	1.89	163	3	3	356670	273784	74354	65174	97597	125337	66082	68792	104369	151549	71364	63807
AT5G47640.1	NF-YB2 - nuclear factor Y, subunit B2	1.63E-01	1.26	501	8	2	417501	347562	416195	236851	276117	380950	332949	244876	422627	222258	147589	274063
AT4G25050.1	ACP4 - acyl carrier protein 4	1.64E-01	1.16	223	4	4	264193	230932	319903	189859	341494	369584	329396	352745	336908	342070	358093	269113
AT1G64330.1	myosin heavy chain-related	1.64E-01	2.18	724	12	12	1636705	1695288	306091	354742	341012	374838	260981	288687	556618	632470	197724	219654
AT5G13020.1	Emsy N Terminus (ENT)/ plant Tudor-like domains-containing protein	1.64E-01	2.45	137	3	3	107207	209855	27214	26443	26539	34393	18380	23638	53057	41143	26054	14152
AT3G13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.64E-01	1.15	1171	19	14	690210	814979	749683	826966	1087367	944925	654914	744989	713521	737454	975287	624342
AT1G56080.1	unknown protein	1.64E-01	2.30	28	1	1	2963	762	2833	5760	8623	7112	7459	3024	29164	2854	10915	10996
AT5G23010.1	MAM1, IMS3 - methylthioalkylmalate synthase 1	1.64E-01	1.58	44	2	1	4791	43902	60546	71757	28710	18611	29404	93928	49560	88644	60487	37734
AT3G01090.1;AT3G01090.2;AT3G29160.1	AKIN10, SNRK1.1, KIN10 - SNF1 kinase homolog 10	1.65E-01	1.30	192	4	4	114537	75984	75741	139509	100127	123558	159267	142681	76909	109285	191681	139357
AT3G02830.1	ZFN1 - zinc finger protein 1	1.65E-01	1.76	305	5	5	285381	173708	66094	79695	60924	77789	50496	56624	90610	113766	43048	68894
AT1G80000.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	1.65E-01	2.41	54	2	2	36149	22333	7430	2792	7306	19954	4030	4803	8972	7162	10748	4136
AT5G42765.1	unknown protein	1.65E-01	1.33	26	1	1	26167	33660	11861	55991	37887	53403	47762	36985	50318	34981	60351	60775
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	1.65E-01	3.16	107	3	3	51015	37598	13016	16235	14304	17747	7325	9126	10403	12305	0	8328
AT5G42580.1	CYP705A12 - cytochrome P450, family 705, subfamily A, polypeptide 12	1.66E-01	1.46	25	1	1	727	523	20519	6062	8377	157	21765	6000	9380	4094	2336	9644
AT4G33010.1;AT2G26080.1	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	1.66E-01	1.24	287	7	7	119872	98918	359515	222686	191526	142144	248409	287283	185159	204530	225718	259436
AT5G23860.1	TUB8 - tubulin beta 8	1.66E-01	1.19	3153	53	1	147136	104815	115732	94630	97773	154318	105735	123525	82266	120591	87242	78800
AT3G53380.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	1.66E-01	10.36	20	1	1	119218	109681	99	2775	2086	6215	1929	0	4481	16324	325	114
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	1.66E-01	1.53	485	10	10	424225	448939	149351	180317	185817	166496	107180	169286	194173	267032	116297	163529
AT2G15270.1	unknown protein	1.66E-01	3.20	24	1	1	16113	14550	2398	1576	2153	1267	881	1232	2851	4030	660	2237
AT3G62030.2;AT3G62030.3	ROC4 - rotamase CYP 4	1.67E-01	1.26	418	7	7	339081	387981	987300	800220	735752	508427	719699	818121	649602	687566	1109507	736954
AT3G59870.1	unknown protein	1.67E-01	1.14	680	9	6	238692	251090	320010	336640	366150	319802	377925	344678	423415	271179	328559	351413
AT1G54180.1	ATBRXL3, BRX-LIKE3 - BREVIS RADIX-like 3	1.67E-01	1.83	42	1	1	3219	10670	20034	9145	22001	8308	11744	6978	4330	7697	2590	6760
ATCG00840.1	RPL23.1, RPL23 - ribosomal protein L23.1	1.67E-01	1.60	25	1	1	2578	5877	19173	11182	12794	13966	14521	13506	12082	10310	39859	14533
AT5G02280.1	SNARE-like superfamily protein	1.67E-01	1.50	62	1	1	15872	16853	42153	37350	49146	22791	26474	13828	28787	17116	17976	18751
AT2G01350.4;AT2G01350.1;AT2G01350.2	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	1.67E-01	1.25	243	5	5	189463	209464	241635	160597	121722	118992	136218	173596	109506	128488	154707	129525
AT1G35340.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	1.68E-01	1.69	42	2	2	1384	1678	4416	4849	3033	4042	3700	8314	4763	2230	3172	10691
AT2G41680.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	1.68E-01	1.31	136	2	2	12093	12099	49793	38719	32421	31383	33295	40784	27217	38118	48516	42971
AT4G29610.1	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	1.69E-01	1.53	47	2	2	1246528	1692221	1007829	536535	711513	452423	462845	789294	504657	814620	653022	472604
AT1G72560.1	PSD - ARM repeat superfamily protein	1.69E-01	1.33	28	1	1	12264	12383	20386	8909	16367	10005	7939	4822	9798	14785	12268	10837
AT1G20670.1	DNA-binding bromodomain-containing protein	1.69E-01	1.62	22	1	1	34145	29838	18042	13739	13985	30302	7014	12432	24648	26570	591	14994
AT4G17330.1	ATG2484-1, G2484-1 - G2484-1 protein	1.69E-01	1.65	539	8	7	692877	710950	227584	241748	208995	252431	196388	185579	307012	318650	205759	203176
AT5G45170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	1.69E-01	1.32	53	1	1	11842	10574	15151	6881	13639	8066	24340	12026	10292	11173	12855	16431
AT5G07820.1	Plant calmodulin-binding protein-related	1.69E-01	2.40	49	2	1	82474	77523	10200	21796	12284	18175	14279	14274	20690	27593	7622	8314
AT1G79280.2;AT1G79280.1	NUA - nuclear pore anchor	1.70E-01	1.81	1835	36	34	8215421	7436756	1962474	1892155	2453263	2617329	1812777	1646853	3584311	3273971	1724462	1507826
AT1G30470.1;AT1G30470.3	SIT4 phosphatase-associated family protein	1.70E-01	1.79	441	9	9	7322309	7462773	1891114	1949165	2324048	2391455	1572308	1333961	3289145	3438557	1752974	1688891
AT5G44320.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7 (eIF-3)	1.70E-01	Infinity	21	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	61	0	4473	0
AT1G04820.1	TUA4, TOR2 - tubulin alpha-4 chain	1.70E-01	1.21	2763	45	4	814954	699538	519182	559190	555919	452774	389912	680814	377797	557183	547260	435323
AT5G05520.1	Outer membrane OMP85 family protein	1.71E-01	3.93	230	5	5	826833	904489	54012	58098	78501	102948	29713	29431	163782	177399	86886	28422
AT5G46110.3;AT5G46110.1	APE2, TPT - Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	1.71E-01	1.24	55	2	2	37744	45748	83908	65702	97091	122707	97610	89002	95269	77458	115477	84534
AT4G02030.1	VpsS1/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	1.71E-01	1.34	181	4	4	15856	12467	18740	22701	28556	30834	9456	16878	14594	17801	22833	15117
AT2G17410.1	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	1.71E-01	1.98	502	9	9	1110439	1077702	208974	218504	254906	380447	160611	136261	487872	554571	135813	169939
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	1.71E-01	1.59	1192	26	24	7537245	6628848	3083393	2195436	2661412	2360728	2579367	2218246	3089650	3747801	1799520	1989300
AT4G39730.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	1.71E-01	1.24	112	1	1	64191	70148	172776	144440	181461	171475	141265	177903	185829	143626	186045	166842
AT2G36870.1;AT2G36870.2	XTH32 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	1.71E-01	1.42	66	2	2	5595	9174	67758	53719	56150	26809	36158	79876	38913	37861	59453	58207
AT5G04590.1	SIR - sulfite reductase	1.71E-01	1.64	32	1	1	4304	2153	20403	14242	10696	12275	30806	11989	15470	9697	28429	8490
AT3G53420.1;AT2G37180.1	PIP2A, PIP2, PIP2;1 - plasma membrane intrinsic protein 2A	1.71E-01	1.26	341	6	3	1109876	882029	1154129	686291	716454	996092	963712	916560	661059	742297	348978	777728
AT1G77140.1	VPS45, ATVPS45 - vacuolar protein sorting 45	1.72E-01	1.57	55	2	2	11667	2433	20176	23611	23189	18590	23965	36267	13270	14938	32632	35886
AT4G20300.2;AT4G20300.1	Protein of unknown function (DUF1639)	1.72E-01	4.13	107	2	2	13539	8366	1183	1038	1322	369	430	306	2546	1706	387	879
AT2G28540.2	RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.72E-01	2.80	36	1	1	2963082	2743683	309813	395329	437386	438220	209921	247155	740931	825765	274135	300677

AT2G33040.1	ATP3 - gamma subunit of Mt ATP synthase	1.72E-01	1.19	779	12	12	902114	818025	1085806	1642151	1458714	1461325	1562036	1394683	1483560	1064937	1713340	1571106
AT3G01340.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.72E-01	1.23	494	11	9	336059	329545	976106	704464	741561	607982	795985	825630	628962	668971	833638	780190
AT1G49760.1	PAB8, PABP8 - poly(A) binding protein 8	1.73E-01	1.14	749	13	11	748862	693412	1032156	1134286	862833	958055	1085828	1198369	805191	980690	1137265	1005311
AT1G50320.1	ATHX, ATX, THX - thioredoxin X	1.73E-01	1.31	20	1	1	13876	18967	84600	58673	87853	56337	63070	68719	63996	86527	66841	70124
AT4G34390.1	XLG2 - extra-large GTP-binding protein 2	1.73E-01	1.69	107	2	2	60388	43062	15125	20728	30681	16522	28775	22771	10567	3105	23410	21968
AT3G03950.1	ECT1 - evolutionarily conserved C-terminal region 1	1.73E-01	1.44	39	1	1	313	491	20612	8528	8509	6275	14367	10635	9288	5305	6196	18802
AT1G76860.1;AT1G21190.1	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	1.74E-01	1.13	113	4	4	225403	204645	278532	184585	258000	206776	178600	192712	188906	241623	220884	179879
AT4G25730.1	FtsJ-like methyltransferase family protein	1.74E-01	1.41	21	1	1	4018	5526	20199	21100	44075	38433	34383	20423	39602	17738	36607	39633
AT4G33250.1	EIF3K, TIF3K1, ATTIF3K1 - eukaryotic translation initiation factor 3K	1.74E-01	1.45	163	3	2	39174	31630	119049	140933	152902	167608	172160	75108	179038	114008	221274	185918
AT2G17980.1	ATSLY1 - Sec1/munc18-like (SM) proteins superfamily	1.74E-01	1.17	56	1	1	37134	27494	39025	42600	29623	26276	46740	42231	33264	35104	31461	48464
AT5G50360.1	unknown protein	1.74E-01	3.42	26	1	1	22083	14838	4525	1420	2428	3765	1985	915	4875	4802	0	1774
AT5G42270.1;AT1G50250.1	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	1.74E-01	3.03	72	3	1	0	0	557	0	89	564	371	1421	502	0	853	517
AT1G29350.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	1.74E-01	1.70	1107	21	5	1396055	1238193	346389	380111	441471	539453	304272	308487	529555	670942	433544	313195
AT1G67350.1	unknown protein; Has 2 Blast hits to 2 proteins in 1 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	1.75E-01	1.34	43	1	1	1155	771	12352	3524	7602	1230	7689	4416	8192	3856	3046	8514
AT5G08290.1	YLS8 - mRNA splicing factor, thioredoxin-like U5 snRNP	1.75E-01	1.68	49	1	1	2146	3749	4059	4047	12349	7253	2485	3204	4325	6516	1594	1865
AT3G49990.1	unknown protein; Has 1524 Blast hits to 1298 proteins in 225 species: Archae - 9; Bacteria - 84; Metazoa - 474;	1.75E-01	1.66	340	5	5	267096	244904	92170	88507	101791	63700	46955	73857	106172	155326	60921	74296
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1.75E-01	1.42	672	9	6	157433	154757	373827	575618	377295	513744	654596	412530	439602	241304	649626	668202
AT1G07110.1;AT3G30200.1	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	1.76E-01	1.15	1081	22	22	2913659	2857744	2573455	1835940	2323902	1930059	1977811	1819967	2026866	2250841	2365264	2091118
AT5G67500.1	VDAC2, ATVDAC2 - voltage dependent anion channel 2	1.76E-01	1.46	171	3	3	24890	19985	33464	13001	17381	11211	33344	40532	35202	19994	11920	33754
AT1G51730.1	Ubiquitin-conjugating enzyme family protein	1.76E-01	1.77	41	1	1	2740	6926	6375	6409	22733	37442	23323	4541	50039	27439	24251	16260
AT1G31910.2;AT1G31910.1	GHMP kinase family protein	1.77E-01	1.36	161	4	4	11935	6623	46518	61631	47002	68599	58460	56860	59952	36278	64137	54259
AT3G57300.2;AT3G57300.1	INO80 - INO80 ortholog	1.77E-01	2.70	61	1	1	99306	98730	5855	13559	16741	29697	4936	8911	42812	25643	12272	3103
AT4G24450.1;AT1G10760.1	GWD3, PWD, ATGWD2 - phosphoglucan, water dikinase	1.77E-01	1.98	72	3	1	20	0	1082	1027	1417	1509	2029	3707	554	1554	376	1810
AT4G37910.1	mtHsc70-1 - mitochondrial heat shock protein 70-1	1.77E-01	1.40	114	3	1	101	42	2779	720	801	461	2123	914	821	398	1019	1596
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	1.77E-01	1.63	471	8	8	14306102	14699231	3079005	5672750	7201197	6686237	4033607	4276353	8959559	5035359	5070690	4248780
AT1G27400.1	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	1.77E-01	1.55	62	1	1	45422	26024	77100	21933	54509	20272	9181	15584	47109	56281	19103	11400
AT3G28220.1	TRAF-like family protein	1.77E-01	1.45	85	2	2	6648	13936	51822	39044	47425	47172	73342	29340	39923	35493	66041	55390
AT4G28980.1	CDKF;1, CAK1AT - CDK-activating kinase 1AT	1.78E-01	4.99	24	1	1	36606	38996	8362	429	1671	4759	619	967	6405	8461	0	1744
AT4G00800.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	1.78E-01	1.72	132	2	2	153655	201031	194432	44697	72158	72661	463085	110092	265421	78620	157592	196460
AT5G47480.1	RGPR-related	1.78E-01	1.66	1051	16	16	2073765	2278610	661365	581418	734477	1136596	489205	478736	1158315	1150257	792027	440041
AT1G24300.1	GYF domain-containing protein	1.78E-01	1.89	21	1	1	109371	99549	40851	14315	86329	57361	29212	45295	22953	35158	49271	33296
AT5G41790.1	CIP1 - COP1-interactive protein 1	1.79E-01	1.81	2759	41	41	9277954	8731780	2668269	2332665	2482015	2317377	1823545	1653155	4163825	4288561	1814832	1630395
AT5G23540.1;AT5G23540.2	Mov34/MPN/PAD-1 family protein	1.79E-01	1.24	702	12	12	760167	812189	1251486	1628039	1342045	1371589	1613456	1427274	1229214	1005848	1924590	1656593
AT3G47700.1	MAG2 - RINT-1 / TIP-1 family	1.79E-01	1.36	43	1	1	2229	1715	8405	7783	12601	19365	16160	11169	9592	7098	15146	11664
AT4G25433.1	peptidoglycan-binding LysM domain-containing protein	1.80E-01	4.38	26	1	1	218621	175250	9897	18830	18444	14326	6309	6425	16129	36923	19059	19125
AT4G37080.1	Protein of unknown function, DUF547	1.80E-01	1.20	26	1	1	101167	77710	248957	165348	107876	92290	152765	175444	138944	148889	189534	148966
AT4G04890.1	PDF2 - protodermal factor 2	1.80E-01	1.13	118	2	2	12717	14983	10635	14894	13458	19293	17006	13562	16512	15136	16236	18579
AT4G14210.1	PDS3, PDS, PDE226 - phytoene desaturase 3	1.81E-01	1.23	227	5	5	44220	41421	96207	107187	99425	130153	108222	113989	89916	101203	108255	115690
AT2G37310.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.82E-01	1.91	22	1	1	15777	29071	66774	132642	67569	50054	27152	43436	37382	11412	31903	37855
AT4G13370.1	Plant protein of unknown function (DUF936)	1.82E-01	3.29	24	1	1	148811	136774	7271	29100	15529	15806	9085	7379	46135	27469	10482	6847
AT1G30100.1	NCED5, ATNCED5 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 5	1.82E-01	4.05	21	1	1	58180	48242	8660	1085	8131	6168	2825	852	10586	8278	8506	1197
AT3G61870.1;AT3G61870.2	unknown protein	1.82E-01	1.77	69	1	1	394	0	16591	12123	6672	12852	13217	20207	11365	6423	15237	19406
AT2G17000.1	Mechanosensitive ion channel family protein	1.83E-01	4.10	21	1	1	2396438	2160897	152287	108913	134409	248047	81528	85565	453598	511294	34821	101541
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	1.83E-01	1.22	152	4	4	129806	113634	93537	232907	138917	166785	154436	154295	157769	144307	220567	236726
AT3G13920.1;AT1G72730.1;AT3G13920.2;AT3G	EIF4A1, RH4, TIF4A1 - eukaryotic translation initiation factor 4A1	1.83E-01	1.34	1186	22	2	79011	58610	199808	98350	188465	140871	189994	184640	108121	107894	238893	199455
AT1G16225.1	Target SNARE coiled-coil domain protein	1.83E-01	1.54	23	1	1	4916	1816	20197	7592	16835	11857	28081	24043	7678	11587	14871	10978
AT3G19240.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	1.84E-01	2.45	186	3	2	483764	473302	76763	53947	70755	144206	49143	39451	154807	164252	93522	30320
AT5G53490.1;AT5G53490.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.84E-01	1.67	55	1	1	18960	15426	23139	23994	23523	36139	42884	43109	53820	37417	9208	49717
AT1G21610.3;AT1G21610.2	wound-responsive family protein	1.84E-01	4.87	67	2	1	20718	19601	3324	1594	1176	782	2904	888	2169	1413	1138	1181
AT1G50600.1	SCL5 - scarecrow-like 5	1.84E-01	1.39	121	4	3	60416	60203	24771	53533	66749	70362	15971	42011	43649	58421	33776	48593
AT1G49970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	1.85E-01	1.27	559	9	9	860220	704675	2783422	2091219	1844110	1136389	2100247	2537876	1578810	1620937	2472111	1673482
AT5G55660.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	1.85E-01	4.18	33	1	1	33707	23070	2208	2636	2034	2326	1628	994	4074	4496	2728	1851
AT4G15410.1	PUX5 - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B prime gamma	1.85E-01	1.48	778	14	14	1734425	1532709	763296	566892	709551	621646	569347	488022	964871	889800	593854	506120
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	1.85E-01	1.32	125	3	3	22292	21036	93273	58988	86935	60978	92437	70599	49530	70639	100922	69162
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	1.85E-01	1.25	336	6	4	166681	163749	264756	205340	252685	248066	415865	322653	194286	260774	214881	222162
AT1G29340.1	PUB17, ATPUB17 - plant U-box 17	1.85E-01	2.03	27	1	1	1632	1801	2177	2368	760	733	6809	4320	1802	3974	748	1545
AT4G17215.1	Pollen Ole e 1 allergen and extensin family protein	1.86E-01	1.55	20	1	1	14266	4029	2273	1309	3176	5558	13109	963	2949	310	1090	1290
AT3G53130.1	LUT1, CYP97C1 - Cytochrome P450 superfamily protein	1.86E-01	1.24	56	2	2	6799	9136	18052	21937	10150	15572	20531	20295	13820	17134	13505	15758
AT4G11260.1	ATSGT1B, ETA3, RPR1, EDM1, SGT1B - phosphatase-related	1.87E-01	1.23	162	3	3	76292	73762	156955	161321	221063	197611	156722	188112	196101	176578	215181	156735
AT4G28780.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.87E-01	1.26	103	2	2	20161	27519	65350	37863	38894	26872	60347	33791	32293	46960	45501	53349
AT1G26310.1	CAL, CAL1, AGL10 - K-box region and MADS-box transcription factor family protein	1.87E-01	1.24	30	1	1	73682	63432	35884	66634	79035	100015	90179	100380	117728	68559	66315	76033
AT1G65010.1;AT3G09980.1;AT4G27595.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	1.87E-01	1.38	1490	29	28	2496651	2307597	1237687	1140840	1074067	1053033	760149	1006489	1486715	1781433	804312	911514
AT2G18020.1;AT4G36130.1	EMB2296 - Ribosomal protein L2 family	1.87E-01	1.40	196	2	2	301916	235712	104456	112097	143730	147181	87287	102631	170589	194649	82597	106421
AT4G13200.1	unknown protein	1.87E-01	1.88	449	7	7	583347	525991	153386	158423	125205	131055	108413	116653	179484	232623	139326	113760
AT1G17630.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	1.87E-01	1.39	30	1	1	0	436	891	15	1162	2319	671	571	1202	524	1612	2132
AT4G33230.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	1.88E-01	1.39	20	1	1	27651	264486	117289	137286	102828	163403	88478	129439	119508	182328	131828	115489
AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	1.88E-01	78.06	27	1	1	0	0	0	2	51	3083	0	111	0	911	0	
AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	1.88E-01	1.48	1040	18	18	5480266	5277526	2561360	1742649	2283004	2182239	1652662	1932892	2618238	3470164	1885334	1654064
AT2G46020.2;AT2G46020.1	CHR2, ATBRM, BRM, CHA2 - transcription regulatory protein SNF2, putative	1.89E-01	2.54	173	5	5	162255	129946	18341	22657	24378	30764	12089	27726	29965	40529	15655	26965
AT5G10240.1	ASN3 - asparagine synthetase 3	1.89E-01	1.37	514	12	2	1486	1244	24885	15140	21247	38585	25306	20582	20065	12305	38058	24572
AT2G19830.1;AT4G29160.1	SNF7.2, VPS32 - SNF7 family protein	1.89E-01	1.57	59	1	1	63545	46788	23971	15417	17788	34253	24315	18453	26828	27922	15240	15374
AT4G17090.1	CT-BMY, BAM3, BMY8 - chloroplast beta-amylase	1.89E-01	1.12	743	13	13	670741	641821	1064853	1006657	991245	880704	1052483	989061	977681	966266	968761	913136
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	1.90E-01	1.62	547	9	8	396439	515052	244945	156369	201324	102143	142913	132913	226437	298908	89226	104451
AT5G67385.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	1.90E-01	1.50	167	3	3	101334	95491	38171	48365	35376	35747	45902	21243	41385	36676	63432	28246
AT5G21170.1	AKINBETA1 - 5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	1.90E-01	1.49	102	2	2	251565	229358	102332	74454	101734	108048	59017	100244	109852	166847	80365	64489
AT5G09810.1;AT2G42170.1	ACT7 - actin 7	1.91E-01	1.30	3182	51	17	4075784	4258099	15624692	12144769	14116602	11929443	15467929	16600834	9694821	10862296	15938303	12062397
AT1G56050.1	GTP-binding protein-related	1.91E-01	1.23	217	4	4	55662	49483	152801	121300	109175	79577	132554	146477	99230	98836	99391	122106
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.92E-01	1.21	206	4	4	361957	407047	469071	418086	437268	392086	560232	498457	457471	317281	719188	450787
AT4G37830.1	cytochrome c oxidase-related	1.93E-01	1.32	73	2	2	112070	120404	259442	171113	197875	105248	83262	119951	126722	152836	137762	112280
AT5G20630.1	GLP3, GLP3A, GLP3B, ATGER3, GER3 - germin 3	1.93E-01	1.18	341	5	5	776206	647907	1616422	1087918	1267022	900905	1236082	1449238	1000180	1270759	1236726	1205643
AT3G28760.1	unknown protein	1.93E-01	1.59	100	2	2	18167	13626	47615	34590	41255	48377	36138	32416	40487	32105	128456	54957
AT3G13060.2	ECT5 - evolutionarily conserved C-terminal region 5	1.93E-01	1.76	79	2	1	36533	29681	36486	10454	15136	18389	21012	13449	20273	12518	357	15662
AT3G54470.1	uridine 5'-monophosphate synthase / UMP synthase (PYRE-F) (UMPS)	1.93E-01	1.40	64	1	1	4963	4852	9273	19585	35620	53700	40307	18842	29477	11852	34099	44891
AT2G05170.1	ATVPS11, VPS11 - vacuolar protein sorting 11	1.93E-01	1.22	27	1	1	11461	14913	40135	25811	34195	18556	32029	27488	22688	30806	34219	30338
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	1.94E-01	1.22	269	9	6	126879	173788	407457	307100	336741	270675	273554	307017	302109	339943	404686	347023
AT2G46680.1	ATHB-7, ATHB7, HB-7 - homeobox 7	1.94E-01	1.24	26	1	1	103977	75188	165346	126633	96719	181585	192953	145656	104506	123185	191949	172814
AT5G40490.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.94E-01	1.47	38	1	1	15842	8979	4484	6226	4303	4079	9588	9241	13557	16739	3725	11866
AT4G00630.1	KEA2, ATKEA2 - K+ efflux antiporter 2	1.95E-01	1.83	128	4	2	2767	3762	41551	26607	16539	28707	65973	45589	11103	10713	32582	53171
AT3G26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	1.95E-01	1.47	77	1	1	265578	275981	449951	364848	107204	227578	192994	310776	161250	233528	154920	96745
AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	1.95E-01	1.35	183	4	1	14827	12203	25598	28423	35375	25135	28934	42747	34660	14740	32849	37234
AT5G20290.1;AT5G59240.1	Ribosomal protein S8e family protein	1.96E-01	1.44	114	3	3	66243	47109	24862	20904	23401	32634	16369	21422	33535	31030	31526	15666
AT5G24000.1	Protein of unknown function (DUF819)	1.96E-01	1.25	47	2	1	59847	45593	91680	60112	90708	86440	78412	67630	46580	55093	60366	39111
AT5G55210.1	unknown protein	1.96E-01	2.18	60	2	2	133500	225841	19270	43354	30437	36140	11807	18506	72380	89350	15321	16254
AT5G61520.1	Major facilitator superfamily protein	1.96E-01	3.69	20	1	1	2072	2481	2865	8793	6176	15794	89605	14091	6864	1445	11997	17013
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	1.97E-01	2.17	660	15	14	2702568	2417821	407979	445820	578348	728213	517350	456102	757090	838555	419662	371998

AT4G04040.1	MEE51 - Phosphofructokinase family protein	1.97E-01	1.70	24	1	1	769	2230	4887	7301	7165	9131	10434	3684	9690	3026	13713	12864
AT1G61570.1	TIM13 - translocase of the inner mitochondrial membrane 13	1.97E-01	1.35	48	1	1	4801	4429	19123	15498	13826	22896	15326	14266	24539	26795	14997	12780
AT5G25930.1	Protein kinase family protein with leucine-rich repeat domain	1.97E-01	1.53	26	1	1	267019	196940	329041	210973	337459	457737	283243	225980	181265	229474	11430	246825
AT4G19570.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	1.97E-01	8.34	26	1	1	106913	79568	3356	5084	2736	2523	2901	4715	5186	6999	2146	2048
AT1G32150.1	bZIP68, AtbZIP68 - basic region/leucine zipper transcription factor 68	1.98E-01	2.66	131	2	2	193196	188196	21376	25988	21755	36696	12055	23120	55667	60344	10746	21167
AT2G03510.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	1.98E-01	2.30	35	1	1	209	449	1490	4111	3085	2563	0	1541	1184	1770	43	629
AT5G40870.1;AT3G27190.1	ATUK/UPRT1, UKL1, UK/UPRT1 - uridine kinase/uracil phosphoribosyltransferase 1	1.99E-01	1.22	151	4	3	69779	74169	166905	170671	127119	109035	163914	165974	103290	126494	166202	148075
AT5G07350.1	Tudor1, AtTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	1.99E-01	2.24	154	3	2	53519	63134	23444	5602	21604	9572	7101	13343	20783	23844	4386	9405
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	2.00E-01	1.42	92	1	1	45789	65029	188972	138431	224284	193819	113058	194063	243648	356258	157940	150227
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	2.00E-01	2.15	234	4	2	399970	368019	98710	90826	66915	65241	85163	73028	104589	111557	59715	72344
AT3G11330.1	PIRL9 - plant intracellular ras group-related LRR 9	2.00E-01	1.34	87	2	2	22444	18333	11619	63294	48364	53255	58533	36105	60137	26938	46526	63956
AT2G44310.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.00E-01	1.71	142	3	3	491180	438645	97346	172401	141731	173807	97849	157034	175117	243701	100817	111789
AT5G09590.1	MTHSC70-2, HSC70-5 - mitochondrial HSO70 2	2.01E-01	1.74	169	4	3	3616	3866	31417	17332	19193	14854	7195	27458	15740	26431	60313	20078
AT3G07770.1	Hsp89.1, AtHsp90.6, AtHsp90-6 - HEAT SHOCK PROTEIN 89.1	2.01E-01	1.30	333	5	2	9169	8136	38477	47334	36471	22315	23997	49518	34739	35942	30853	35137
AT5G42140.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family with FYVE zinc finger domain	2.01E-01	2.46	22	1	1	108502	108232	9955	44231	12580	26622	17227	32076	7485	44519	11333	13564
AT2G29190.1	APUM2, PUM2 - pumilio 2	2.01E-01	1.27	21	1	1	70712	40811	76375	44579	35700	85329	97136	88095	55050	69459	48076	92376
AT4G33500.1	Protein phosphatase 2C family protein	2.01E-01	1.26	287	5	5	54963	61635	141378	113369	111358	78068	73819	151662	130847	89271	129062	134419
AT3G02620.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-protein desaturase family protein	2.02E-01	3.76	29	1	1	104190	82326	8271	9861	6606	6446	6645	4764	13026	21444	1644	10394
AT4G14030.1;AT4G14040.1	SBP1 - selenium-binding protein 1	2.02E-01	1.31	113	2	2	8588	8877	35999	48723	44054	35598	31223	34913	46798	31423	38629	55829
AT1G50910.1	unknown protein; Has 1105 Blast hits to 802 proteins in 217 species: Archae - 2; Bacteria - 177; Metazoa - 445;	2.02E-01	2.30	23	1	1	25417	23791	8563	3715	6949	2800	3751	4619	4459	6444	8052	3630
AT5G65410.1	ATHB25, ZFHD2, HB25, ZHD1 - homeobox protein 25	2.03E-01	1.73	646	9	9	3139686	3253917	1094682	726134	797784	1376440	895055	832280	1437211	1406275	666173	769173
AT5G56770.1	unknown protein	2.03E-01	2.79	22	1	1	0	0	733	0	153	153	715	222	558	128	1272	0
AT2G16070.2;AT2G16070.1	PDV2 - plastid division2	2.04E-01	1.72	133	3	2	207365	226637	64524	52143	66370	70885	57410	37007	114683	69026	74083	48547
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	2.04E-01	1.61	1478	21	19	8940517	8134900	2590855	2532997	2933868	3181882	2034282	2345913	4213683	4539574	2562195	1916878
AT5G65270.1;AT4G39990.1	AtRABA4a, RABA4a - RAB GTPase homolog A4A	2.04E-01	1.63	193	3	2	9231	8647	31937	25794	24030	35742	15117	15682	12451	10497	11579	17712
AT5G65260.1;AT5G10350.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.05E-01	1.50	166	2	1	8810	11587	9156	14187	17995	30607	29632	9127	20197	13789	39106	26455
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	2.05E-01	1.24	167	3	3	35164	33050	80480	119778	102560	70687	101835	96482	67253	80282	102234	98759
AT4G24770.1	RBP31, ATRBP31, CP31, ATRBP33 - 31-kDa RNA binding protein	2.05E-01	1.56	770	15	14	5301735	5372653	1899447	1677728	1894048	1852667	1306263	1534107	3130714	2769283	1457592	1322552
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	2.05E-01	1.17	342	6	4	166276	217680	351785	335754	238126	200271	248749	338922	301245	354072	256567	264998
AT2G36830.1	GAMMA-TIP, TIP1;1, GAMMA-TIP1 - gamma tonoplast intrinsic protein	2.06E-01	1.14	23	1	1	123159	129740	161600	153173	138295	148493	148293	120644	99528	181440	108910	92705
AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family protein	2.06E-01	1.39	1434	20	2	704794	756527	368063	289233	338585	333806	359608	271253	471417	475050	234785	200469
AT4G09010.1	APX4, TL29 - ascorbate peroxidase 4	2.06E-01	1.49	25	1	1	3785	1848	30065	19785	19350	19623	28416	12298	14104	14889	36949	33837
AT4G30930.1	NFD1 - Ribosomal protein L21	2.06E-01	2.26	215	3	3	971885	1280407	246946	210606	219250	146608	130885	176141	365544	418333	130398	141368
AT5G65685.1;AT5G65685.2	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	2.07E-01	1.29	274	7	7	81053	93568	257261	296611	345003	466491	391138	266044	347997	241715	458748	288576
AT3G03740.1	ATBPM4, BPM4 - BTB-POZ and MATH domain 4	2.07E-01	43.83	22	1	1	5992	8628	0	49	108	6	0	44	0	115	178	0
AT1G64750.1;AT1G64750.3	ATDSS1(I), DSS1(I) - deletion of SUV3 suppressor 1(I)	2.07E-01	3.14	330	4	4	2291548	3025938	157668	197448	228460	315788	87371	77838	836955	745619	145006	87545
AT5G44520.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	2.07E-01	1.33	134	3	3	29571	58389	45220	82472	89762	97174	119363	55342	110414	53804	95735	102360
AT3G62870.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	2.08E-01	2.10	183	4	1	781	1291	11703	6443	5860	89	11226	6372	10296	5410	629	20989
AT1G04510.1	MAC3A - MOS4-associated complex 3A	2.08E-01	1.62	68	2	1	421	789	8186	4650	5632	7133	3222	6876	5950	2814	14721	9850
AT1G04350.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	2.08E-01	1.58	29	1	1	1077	587	5399	3071	3117	1133	7208	3589	3971	2002	1220	4752
AT1G68790.1	LINC3 - little nucleii3	2.08E-01	2.33	98	3	2	74125	46125	9229	5471	11282	11512	3283	6450	22120	24144	1221	10343
AT1G73460.1	Protein kinase superfamily protein	2.10E-01	1.63	295	5	2	60302	51137	24191	12059	17983	24596	24918	10886	32366	16105	20194	12037
AT4G27120.1	unknown protein	2.10E-01	2.67	43	2	2	201119	183180	18411	35862	25256	37434	17330	39987	26213	52814	20158	31317
AT5G19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.10E-01	3.89	277	6	4	69663	54889	5594	2867	5978	5352	4123	1644	15406	8807	3866	3242
AT4G19510.1;AT4G19510.2	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class)	2.10E-01	1.67	20	1	1	26981	44476	10100	10448	18958	8713	12571	5522	25920	9004	7689	10847
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	2.10E-01	1.19	466	9	8	142122	131850	266108	347529	303173	325971	285433	304607	258455	295007	336636	326135
AT5G66055.1	EMB16, EMB2036, AKRP - ankyrin repeat protein	2.11E-01	1.45	21	1	1	18310	16633	5602	14179	24112	13446	6804	6636	18146	13430	13201	5534
AT3G55440.1;AT2G21170.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	2.11E-01	1.21	121	3	3	112869	86204	175295	171189	216202	185951	260567	204761	173912	145010	180732	179032
AT2G31810.1;AT2G31810.2;AT2G31810.3	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	2.11E-01	1.24	839	18	18	751128	701533	1912287	1663234	1572918	1153184	2154254	1708096	1129491	1249516	1741115	1656303
AT3G54860.1	ATVPS33, VPS33 - Sec1/munc18-like (SM) proteins superfamily	2.11E-01	1.28	33	1	1	6862	12673	46171	19669	49496	55533	31437	43451	32044	41118	57815	37796
AT1G22530.1	PATL2 - PATELLIN 2	2.11E-01	1.13	775	16	14	679557	618050	639283	506720	522815	394981	708658	635981	662571	670007	490224	623736
AT5G19370.1	rhodanese-like domain-containing protein / PPIC-type PPIASE domain-containing protein	2.12E-01	1.27	461	10	9	181126	179994	293164	465756	546644	578717	577689	446200	400990	304205	541792	569825
AT4G01120.1	GBF2, ATBZIP54 - G-box binding factor 2	2.12E-01	42.00	25	1	1	63328	49153	1834	223	67	607	640	515	523	336	108	621
AT3G63070.1	Tudor/PWWP/MBT domain-containing protein	2.12E-01	182.79	25	1	1	0	0	3	40	0	15	1	86	0	41	10702	13
AT2G36560.1	AT hook motif DNA-binding family protein	2.12E-01	1.39	22	1	1	172062	142552	984457	936455	504995	299154	684989	481332	371463	508846	1139519	1048443
AT1G02280.1	TOC33, ATTOC33, PPI1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 33	2.12E-01	1.24	46	2	2	30339	13555	21739	27516	23561	32278	24453	45484	23612	26016	36310	28484
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.12E-01	1.88	2255	39	36	14425514	13028537	2763312	3143499	3503697	4440666	2752663	3143089	4594445	5376091	2935280	3129937
AT5G27290.1	unknown protein	2.12E-01	1.38	28	1	1	0	0	1193	2018	1414	1161	492	1062	786	300	2735	2638
AT5G41520.1;AT5G41520.2	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	2.13E-01	1.15	157	4	4	320584	273703	475334	446911	414157	408736	354847	546859	381429	491433	440877	469524
AT5G51940.1;AT2G04630.1	NRPB6A, NRPD6A, NRPE6A - RNA polymerase Rpb6	2.13E-01	1.87	88	3	3	82436	65574	12714	17854	20837	37295	20744	14786	23115	15892	33877	17924
AT3G18773.1	RING/U-box superfamily protein	2.13E-01	2.29	29	1	1	8042	7394	1445	714	171	1520	38	231	4372	2990	723	67
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	2.13E-01	1.84	541	7	7	873101	873041	149362	254111	230979	324097	185567	165018	349791	387232	187507	193550
AT5G37000.1	Exostosin family protein	2.13E-01	8.13	29	1	1	0	0	181	1354	560	415	3853	5763	0	1335	2720	6739
AT4G34090.2	unknown protein	2.14E-01	1.22	382	7	6	46478	90629	188956	157893	117844	78830	121001	172271	118851	124951	168355	127600
AT4G10930.1	unknown protein	2.15E-01	2.33	99	2	2	24147	37865	4086	5727	5867	6487	5235	6110	6809	9514	6025	2392
AT5G48120.1	REF4, MED33B - reduced epidermal fluorescence 4	2.15E-01	1.97	24	1	1	204	181	4398	1912	3642	2296	6625	4219	2353	1834	640	9262
AT1G08800.1	Protein of unknown function, DUF593	2.15E-01	2.34	133	3	2	47255	32286	6313	7911	4441	11247	8326	2024	8993	5866	14241	7255
AT5G46540.1	PGP7 - P-glycoprotein 7	2.15E-01	1.45	51	2	2	105162	60317	119393	73635	96832	32121	92444	25626	59542	58188	14699	85170
AT5G02850.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2.15E-01	2.31	90	3	3	159160	195210	23910	19884	41245	32857	21794	16161	70696	64235	13317	17993
AT1G07140.1	SIRANBP - Pleckstrin homology (PH) domain superfamily protein	2.15E-01	1.58	21	1	1	137463	110717	37163	36081	45045	72621	17935	32709	63685	74768	37410	51937
AT5G22010.1	AtRFC1, RFC1 - replication factor C1	2.16E-01	3.59	21	1	1	6727	9521	118	1935	2104	2001	2677	1057	1166	453	0	886
AT5G64710.1	Putative endonuclease or glycosyl hydrolase	2.16E-01	6.16	22	1	1	731	0	609	860	788	640	220	950	857	827	17859	1623
AT5G51300.1	splicing factor-related	2.16E-01	1.62	376	8	8	2021145	1890877	451454	681372	645048	933434	357566	530006	994027	1113683	503122	596898
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	2.16E-01	1.47	380	6	5	251615	467154	153394	130022	129506	182109	134945	123729	190684	174090	167893	99973
AT3G12110.1	ACT11 - actin-11	2.17E-01	1.33	2097	39	2	28335	23852	110735	70260	113855	102513	86169	144432	58965	86530	134203	89303
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	2.17E-01	1.44	1364	19	18	7254388	7271307	2749236	2576791	3285738	3232947	2311266	2776794	4231049	4372032	2497680	2153238
AT1G06220.1;AT5G25230.1	MEE5, CLO, GFA1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	2.17E-01	1.59	646	13	12	3241995	3759957	707632	1299991	1885310	2286392	1015063	938424	2467295	1791538	979521	1099739
AT1G66970.2;AT1G66980.1	SVL2 - SHV3-like 2	2.18E-01	1.16	343	6	5	104477	149446	261535	222885	221114	179395	190737	239323	198044	224730	245056	223210
AT2G20595.1	highly expressed in the female gametophyte central cell and expressed at low levels in the egg and synergids	2.18E-01	1.70	26	1	1	32778	21522	88880	66063	33785	20253	173792	96736	38632	53924	25365	58797
AT3G48860.2;AT3G48860.1	unknown protein	2.18E-01	1.63	210	4	4	81461	81190	26488	24622	20414	36265	20561	23101	32123	41733	29955	18515
AT5G05190.1	Protein of unknown function (DUF3133)	2.18E-01	2.71	49	2	2	116530	116888	14450	20376	8653	23668	8504	11821	17298	44804	15889	12516
AT2G18410.1	unknown protein	2.18E-01	3.10	43	1	1	118702	143096	8880	6743	24295	13869	6475	9531	38787	38060	1855	7173
AT5G18110.1	NCBP - novel cap-binding protein	2.18E-01	1.37	41	1	1	67146	54345	56863	22135	33537	30665	31510	15804	64752	30266	25067	25215
AT1G76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	2.18E-01	2.27	1555	21	19	92795821	84413875	14660681	13869832	15569025	17591236	11414819	11542529	27169134	29881059	13349983	11672120
AT2G47060.1	Protein kinase superfamily protein	2.19E-01	1.39	51	2	1	1563	1263	2360	6468	14545	16597	8649	20490	4700	4661	9422	11376
AT1G01320.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.19E-01	1.54	1413	24	22	7802483	7539883	2985208	2297494	2739278	2699281	2330815	2544968	3652628	4132616	2154185	2100073
AT1G51080.1	unknown protein	2.19E-01	14.87	23	1	1	68756	45915	0	365	507	242	0	114	2358	5317	0	0
AT1G76030.1;AT1G20260.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	2.19E-01	1.16	4340	58	14	1763036	1558309	3614742	2593202	2735875	2452728	3234876	3259563	2300390	2881438	2570957	2819158
AT5G56180.1	ATARP8, ARP8 - actin-related protein 8	2.20E-01	1.37	27	1	1	180957	160533	351892	300541	491540	336268	349833	220143	229682	237191	145250	148120
AT3G11910.1	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	2.20E-01	1.23	1154	26	10	217360	289734	498163	523693	499541	494471	538696	508409	476880	330742	652051	590784
AT5G24020.1	MIND, ARC11, ATMIND1 - septum site-determining protein (MIND)	2.20E-01	1.26	424	7	7	67903	94087	345298	392964	370071	236175	302059	329923	252970	264510	324718	430511
AT2G17240.1	unknown protein	2.21E-01	1.96	111	3	3	1466546	1304075	404984	320868	386216	208633	210740	252299	436854	587943	399633	202525
AT2G24820.1	TIC55-II - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 55-II	2.21E-01	1.23	168	4	4	127290	85184	142299	126619	146629	130217	253886	158731	114276	150083	129858	125689
AT3G13940.1	DNA binding;DNA-directed RNA polymerases	2.21E-01	3.11	21	1	1	79892	120057	5082	21390	12518	18996	17316	10499	16554	8088	21406	8948
AT3G56910.1	PSRP5 - plastid-specific 50S ribosomal protein 5	2.21E-01	2.30	23	1	1	27452	22574	6295	3527	1970	3480	2750	1206	12238	10055	1	2087

AT1G74970.1	RPS9, TWN3 - ribosomal protein S9	2.22E-01	1.42	927	10	10	37339118	35545315	17982971	15785185	15885174	11963069	11119814	12631657	21369680	27479489	11228287	10781929
AT1G43190.1	PTB3 - polypyrimidine tract-binding protein 3	2.22E-01	1.27	251	4	4	115911	116898	250713	283184	258034	300440	330768	264943	214078	180114	376597	312227
AT3G43540.1;AT3G43540.2	Protein of unknown function (DUF1350)	2.22E-01	1.28	211	3	3	88254	74876	244679	186251	186068	162341	225133	281422	203819	117808	172724	200881
AT2G17380.1	AP19 - associated protein 19	2.23E-01	1.28	52	1	1	24565	17703	29757	47058	65508	95196	66754	58101	49153	35416	88794	59625
AT1G72910.1	Toll-Interleukin-Resistance (TIR) domain-containing protein	2.23E-01	1.25	23	1	1	42459	28242	29157	13261	19734	17108	36287	29831	34630	17500	35808	33258
AT1G66840.1	PMI2, WEB2 - Plant protein of unknown function (DUF827)	2.24E-01	1.29	47	1	1	3847	10887	6737	13818	11866	19403	15654	8772	19042	11124	18184	13278
AT4G18800.1;AT5G45750.1	ATHSGBP, ATRAB11B, ATRABA1D, RABA1d - RAB GTPase homolog A1D	2.24E-01	1.56	216	5	2	53675	19841	27259	9594	18614	16016	20490	10253	28454	11501	8336	14019
AT3G25150.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	2.24E-01	1.10	151	5	5	214195	291619	235515	190210	207541	256985	212689	204685	186985	234165	216821	209123
AT2G19930.1	RNA-dependent RNA polymerase family protein	2.24E-01	4.07	21	1	1	456356	477396	39011	20619	43597	26459	31499	14388	67233	110858	26279	11224
AT2G32580.2	Protein of unknown function (DUF1068)	2.25E-01	1.30	23	1	1	1324297	1236758	2159630	2338897	2295489	2567364	3342526	3134472	1229617	2363858	2569087	2872085
AT3G07220.1	SMAD/FHA domain-containing protein	2.25E-01	1.87	64	2	2	27150	12031	2888	5650	7008	8449	3705	2889	8516	8380	5429	4872
AT1G07480.1;AT1G07470.1	Transcription factor IIA, alpha/beta subunit	2.26E-01	1.73	327	4	4	1673150	2001738	473332	488816	716843	429012	781953	397761	707968	881490	308156	272990
AT4G37670.2	NAGS2 - N-acetyl-l-glutamate synthase 2	2.26E-01	14.74	45	1	1	0	0	1135	2477	2945	4536	0	648	82	20	0	2
AT5G37475.1	Translation initiation factor eIF3 subunit	2.26E-01	1.21	47	1	1	35355	43454	60266	35158	36650	37512	20866	21759	53189	54413	21993	32417
AT5G47800.1	Protein of unknown function (DUF1350)	2.27E-01	1.43	28	1	1	14178	14090	33447	11059	15007	12689	22981	11543	9547	10061	1330	14706
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	2.27E-01	1.27	166	4	4	49468	67625	95293	139494	145413	134301	99854	156690	122952	84882	172742	164077
AT4G19160.3	unknown protein; Has 315 Blast hits to 315 proteins in 152 species: Archae - 0; Bacteria - 250; Metazoa - 2; Fun	2.27E-01	1.37	25	1	1	4968	3230	1851	36779	4059	6687	14810	3971	9245	5553	22562	22793
AT3G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	2.27E-01	1.30	1158	19	2	54058	96541	74914	101515	104999	100571	74292	68785	154029	103259	156794	134170
AT1G24120.1	ARL1 - ARG1-like 1	2.27E-01	1.33	28	1	1	25510	30335	31607	17752	15693	34717	3723	11481	30485	34468	17667	19044
AT4G23400.1	PIP1D, PIP1;5 - plasma membrane intrinsic protein 1;5	2.28E-01	1.27	33	1	1	1077	1293	10429	7849	14035	18653	13552	10196	11011	6058	15536	11621
AT1G68590.1;AT1G68590.2	Ribosomal protein PSRP-3/Ycf65	2.29E-01	1.26	128	3	3	260986	349880	910112	1081181	972544	667131	897631	1000019	957855	529813	894504	1075294
AT3G54230.1	SUA - suppressor of abi3-5	2.29E-01	1.78	48	1	1	12099	5981	3505	1314	4031	2574	2782	378	3561	6061	1439	2325
AT3G03140.1	Tudor/PWWP/MBT superfamily protein	2.29E-01	1.55	39	1	1	38051	12202	10775	6420	8336	9490	936	4013	17249	16132	14162	2473
AT5G23080.1	TGH - SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein	2.30E-01	1.67	30	1	1	2278	3013	899	534	1331	336	379	474	2014	1797	159	193
AT5G15490.1;AT3G01010.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.30E-01	1.59	261	5	1	16471	18229	70982	51859	57240	40420	18452	33750	22175	26429	26943	33158
AT4G34740.1;AT2G16570.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	2.30E-01	1.25	328	6	5	148424	130646	309125	346431	287593	297534	395553	295432	242312	208021	417993	347243
AT3G13750.1;AT1G45130.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	2.31E-01	1.20	645	11	10	264951	344198	822033	640792	602500	678791	605149	739687	528803	617755	840578	694905
AT5G14040.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	2.31E-01	1.65	365	7	7	27968	32377	125656	117777	103285	70289	47141	62967	41241	43269	49264	44681
AT5G46290.1;AT5G46290.2;AT5G46290.3	KASI, KAS1 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein synthase I	2.31E-01	1.21	1561	23	22	1104538	984682	2421913	2361975	2268660	2193239	2433537	2249271	2043375	1617359	2763526	2569759
AT4G32810.1	CCD8, MAX4, ATCCD8 - carotenoid cleavage dioxygenase 8	2.32E-01	1.28	22	1	1	17502	16521	62630	38075	54808	71164	33969	53245	78405	47122	57190	62764
AT5G36170.1	HCF109, ATPRFB - high chlorophyll fluorescent 109	2.33E-01	1.53	60	1	1	2564	8304	26506	9246	16485	12834	17033	30624	25753	5744	13737	23411
AT1G42550.1	PMI1 - plastid movement impaired1	2.34E-01	1.51	756	14	13	2200561	2053916	804571	603371	902421	780754	772745	695956	977329	1326003	527554	566599
AT2G25170.1	PKL, GYM, CHD3, CHR6, SSL2	2.34E-01	1.09	32	1	1	0	0	1142	2233	2199	4983	641	2419	2456	1594	529	2076
AT4G26910.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	2.34E-01	1.26	532	13	4	130978	108735	161704	122880	95309	118410	171514	176243	102751	101766	137188	239809
AT1G20440.1	COR47, RD17, AtCOR47 - cold-regulated 47	2.34E-01	2.39	1135	18	14	24616429	23591457	3512132	3188438	3773523	4296946	2795746	3002725	7657931	7591670	2849493	2414336
AT1G24610.1	Rubisco methyltransferase family protein	2.34E-01	1.19	104	1	1	2316	1259	6551	5798	8572	3402	38	3709	6538	2804	0	10412
AT3G55000.1	TON1A, TON1 - tonneau family protein	2.34E-01	1.41	54	1	1	2766	3022	2324	890	2152	5559	3295	2227	6731	4240	5029	2048
AT1G64880.1	Ribosomal protein S5 family protein	2.35E-01	1.39	517	11	10	2705121	2742310	1684079	930017	1284636	1112351	946335	1016862	1554416	1815880	1278837	900537
AT2G17310.1	SON1 - F-box and associated interaction domains-containing protein	2.35E-01	1.22	30	1	1	56627	56570	74468	75077	93681	187131	128670	113760	134061	91001	123949	69396
AT2G05210.1	beta-1,2-N-acetylglucosaminyltransferase II	2.35E-01	1.53	27	1	1	46261	85647	58852	47428	16862	25591	14650	32598	45323	50399	22678	17518
AT1G08420.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	2.36E-01	1.24	686	13	4	58586	69136	108437	307175	185320	256291	236023	191291	196436	125447	252954	219511
AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase family protein	2.36E-01	1.27	45	2	1	856068	1032255	5153028	2485864	4305707	2655195	3219275	2544403	2519163	3191374	4925610	4502997
AT3G52860.1	unknown protein; Has 86 Blast hits to 86 proteins in 36 species: Archae - 0; Bacteria - 2; Metazoa - 41; Fungi - 1	2.37E-01	2.07	74	1	1	47548	48817	21143	8384	20743	4264	10106	7146	26573	16771	1768	10384
AT1G56110.1	NOP56 - homolog of nucleolar protein NOP56	2.37E-01	1.33	46	2	1	5675	6455	49738	32568	38705	31382	18805	51582	26421	45083	36462	40491
AT5G58930.1	Protein of unknown function (DUF740)	2.37E-01	1.37	30	1	1	7438	11944	24069	21475	9627	24456	25717	33806	20602	22569	9216	23373
AT3G57370.1	Cyclin family protein	2.38E-01	1.25	24	1	1	25383	30742	26264	52993	37227	30260	24926	54116	32088	38247	56198	47962
AT1G56190.1	Phosphoglycerate kinase family protein	2.39E-01	7.02	732	13	1	3383	2350	7013	6174	5772	6062	5361	4881	7227	3272	183611	11427
AT1G58170.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	2.40E-01	1.17	23	1	1	219	411	11315	14681	21687	8541	19612	11062	9700	10318	6697	9278
AT3G44340.1	CEF - clone eighty-four	2.40E-01	1.21	198	4	4	164722	117375	164931	212399	270389	217172	165473	195042	131987	143730	159286	153231
AT3G07660.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	2.41E-01	1.90	261	7	7	1063361	995894	228058	234109	218669	260344	205895	225239	372799	388688	191191	197650
AT5G08040.1	TOM5 - mitochondrial import receptor subunit TOM5 homolog	2.42E-01	1.55	31	1	1	0	395	4075	1278	3088	1604	4655	3576	1098	1740	1487	3575
AT2G18450.1;AT5G66760.1	SDH1-2 - succinate dehydrogenase 1-2	2.43E-01	1.24	100	2	2	12387	25507	25253	45900	35177	37661	39846	32262	31436	26029	44871	50860
AT4G29520.1	unknown protein	2.43E-01	2.39	571	9	9	1828965	1691386	277920	189973	282411	335299	168780	145572	470445	562535	416439	164769
AT3G18390.1	EMB1865 - CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	2.43E-01	1.95	442	7	7	1148623	944840	211437	174233	243685	285581	218609	182909	389501	439220	122858	187587
AT1G09310.1	Protein of unknown function, DUF538	2.44E-01	1.23	43	1	1	22949	31307	21532	44947	43865	42208	33365	30228	55043	32959	46242	56809
AT2G27030.3;AT2G41110.2	CAM5 - calmodulin 5	2.44E-01	1.38	588	6	2	2069546	2625382	1520222	1258410	913937	1765742	1324569	182164	1928901	1757745	1105859	1067359
AT3G01290.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	2.45E-01	1.43	84	3	3	18297	21073	52346	48972	62243	42373	40510	30944	21931	22906	27922	27561
AT3G63130.1	RANGAP1, ATRANGAP1 - RAN GTPase activating protein 1	2.47E-01	1.27	223	3	3	236736	346846	234929	139881	213074	149719	137327	161948	219824	274730	136198	113637
AT5G16810.1	Protein kinase superfamily protein	2.47E-01	1.17	308	5	5	69950	53892	139002	72434	90661	105525	86905	99147	108349	86580	137994	101511
AT2G31690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.48E-01	2.53	21	1	1	8428	127	1050	1870	1172	1720	1561	2167	46	46	1268	589
AT3G53350.1	RIP4 - ROP interactive partner 4	2.48E-01	3.97	51	2	2	89826	106418	5379	4352	3930	10858	1579	1969	16687	25159	5718	4502
AT3G50670.1;AT3G50670.2	U1-70K, U1SNRNP - U1 small nuclear ribonucleoprotein-70K	2.49E-01	1.80	313	7	7	943521	868249	306168	181179	178250	327004	221163	180375	351221	342090	266764	195219
AT1G30120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	2.50E-01	1.15	786	13	2	272296	313473	448592	401357	418340	311325	345837	498083	306299	456799	495457	391510
AT1G16520.1	unknown protein	2.50E-01	10.92	24	1	1	94264	75663	1514	1706	1848	1415	808	2309	6334	4512	1042	1152
AT4G00190.1	PME38, ATPME38 - pectin methylesterase 38	2.50E-01	2.56	45	2	1	227	274	2873	2691	1652	1717	3965	5990	651	360	5821	7373
AT3G12020.1	PGR7 - proton gradient regulation 7	2.50E-01	1.43	58	1	1	18803	16409	15131	21423	24984	40357	53682	13580	25969	20405	42212	40428
AT1G11750.1	CLPP6, NCLPP1, NCLPP6 - CLP protease proteolytic subunit 6	2.51E-01	1.16	682	8	8	1083161	964274	1899432	1751428	1504737	959339	1463892	1926858	1181793	1502595	1650959	1720045
AT1G43170.1;AT1G43170.4;AT1G61580.1	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	2.51E-01	1.25	169	4	4	84284	82508	64787	50675	47075	37405	50156	44224	56537	61580	32777	49088
AT3G52840.1	BGAL2 - beta-galactosidase 2	2.51E-01	1.28	119	4	2	3380	7704	17229	15878	43903	49527	27395	11927	38336	26012	38299	34597
AT5G05780.1;AT5G05780.2	RPN8A, AE3, ATHMOV34 - RP non-ATPase subunit 8A	2.52E-01	1.34	407	8	3	83142	98364	235259	233009	168108	132148	111922	96783	109235	142883	126636	119753
AT5G47870.1	unknown protein	2.52E-01	1.17	312	7	7	807104	799076	1495737	1040191	1033130	700510	1261944	1264381	776792	1001289	1429223	1153300
AT5G60840.1	unknown protein; Has 361 Blast hits to 333 proteins in 92 species: Archae - 2; Bacteria - 55; Metazoa - 145; Fun	2.53E-01	2.02	94	1	1	396037	329475	44059	80193	87307	125542	65727	51887	113763	150577	73049	71939
AT5G57290.1;AT5G57290.2	60S acidic ribosomal protein family	2.53E-01	1.44	323	5	4	5049803	4751870	1587786	1869626	1889142	2160342	1523706	1559253	2676895	3195666	1446280	1605168
AT2G20140.1	AAA-type ATPase family protein	2.53E-01	1.38	755	16	2	4639	2931	11802	5037	7716	3605	12368	7141	5442	3857	7294	13032
AT1G75900.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	2.54E-01	1.40	22	1	1	1259	3021	26843	19564	29124	19938	13478	29654	11578	13763	33378	37469
AT1G17665.1	unknown protein	2.55E-01	1.56	20	1	1	89333	91591	312135	292620	286755	119056	109213	112371	113153	145550	164093	118542
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	2.56E-01	1.16	3601	49	47	11411063	11196795	21424430	22687006	24662981	21202241	24731664	23297275	17614459	18566619	23230871	23135947
AT1G17720.2;AT1G17720.1	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	2.56E-01	1.18	409	7	6	145594	112343	244862	268475	302658	318406	259414	276098	245832	242935	364297	253361
AT1G26170.1	ARM repeat superfamily protein	2.56E-01	1.20	34	1	1	27586	18823	33529	25033	47550	83425	56725	48940	58439	37661	50360	31446
AT2G27100.1	SE - C2H2 zinc-finger protein SERRATE (SE)	2.56E-01	1.33	307	7	7	319998	292921	119069	151166	143047	149207	111958	130483	211516	196570	109848	121604
AT4G30810.1	scpl29 - serine carboxypeptidase-like 29	2.56E-01	1.22	126	2	2	4876	3687	20811	19080	23515	27188	20971	17042	27412	18058	18029	19785
AT4G38510.1	ATPase, V1 complex, subunit B protein	2.56E-01	1.25	3751	50	6	144605	141980	500458	357348	360234	306324	518274	426552	240159	274490	395449	409275
AT2G30110.1	ATUBA1, MOS5, UBA1 - ubiquitin-activating enzyme 1	2.56E-01	1.23	34	1	1	11067	3875	24688	15571	14954	15850	22071	16636	13227	15374	17632	20654
AT1G75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	2.57E-01	1.11	55	2	1	1178	711	5248	20446	3236	3907	4793	6860	5890	2961	8391	9560
AT4G26450.1	unknown protein; Has 614 Blast hits to 492 proteins in 137 species: Archae - 0; Bacteria - 94; Metazoa - 255; Fu	2.57E-01	2.00	162	2	2	50175	51006	11459	5422	11127	15238	4674	4442	16918	16290	22624	7128
AT5G66400.2	RAB18, ATDI8 - Dehydrin family protein	2.57E-01	71.83	44	1	1	28818	34506	0	20	0	0	0	0	0	882	0	0
AT5G45150.1	RTL3 - RNAse THREE-like protein 3	2.57E-01	2.16	60	2	1	5431	5221	3551	5886	3647	264	576	3947	2879	398	1520	1796
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	2.58E-01	1.29	161	2	2	28829	33476	25071	46312	81711	70025	65942	42754	75279	31505	84248	69344
AT5G44090.1	Calcium-binding EF-hand family protein	2.58E-01	1.21	162	4	1	2679	2634	4749	15902	18428	7246	7513	8849	10635	7002	13946	14618
AT5G02790.1	GSTL3 - Glutathione S-transferase family protein	2.59E-01	1.38	88	2	2	10014	7062	22179	16745	23730	18579	8773	17202	24803	24665	31729	28481
AT2G39810.1	HOS1 - ubiquitin-protein ligases	2.59E-01	2.56	22	1	1	11113	6739	1912	1571	1130	601	1322	874	2799	2924	0	1105
AT5G22450.1	unknown protein	2.60E-01	1.25	84	3	2	199588	159609	186441	89103	167596	125978	122787	66856	311645	143307	7518	89958
AT2G44710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.60E-01	2.46	30	1	1	76341	79619	11093	8914	10302	15666	15261	10228	20735	18564	2821	14543
AT2G39730.2	RCA - rubisco activase	2.60E-01	1.59	10292	131	1	2003563	1538658	11886592	3346272	5418149	5557586	15456842	6665664	7628005	3369760	2421012	11905259
AT1G10430.1	PP2A-2 - protein phosphatase 2A-2	2.60E-01	1.30	381	7	1	23431	38111	67460	65569	37619	49515	37397	51987	25034	31665	37013	32992

AT5G27470.1	seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase	2.61E-01	97.33	49	2	1	3	335	0	0	71	59	4	26	124	6	45176	141
AT1G76880.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	2.61E-01	1.55	299	7	5	259324	242154	119032	77314	105339	59020	101603	68222	133379	139885	35311	78986
AT5G18400.1;AT5G18400.2	Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1, Fe-S biogenesis	2.61E-01	1.18	176	5	4	117376	74530	91632	146860	137733	147946	102476	98307	104433	95698	99526	104670
AT1G13020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	2.62E-01	2.10	651	13	10	681068	565373	148802	91304	101278	129880	114440	97177	235354	199878	69238	102652
AT5G05000.1	TOC34, ATTOC34, OEP34 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 34	2.63E-01	1.13	20	1	1	1926	3002	1558	11347	10917	23604	7203	11786	8356	6930	10374	14574
AT3G59290.1	ENTH/VHS family protein	2.63E-01	1.77	182	3	2	94159	136626	25395	21330	37523	34561	22272	19463	45151	61766	31374	17655
AT5G53440.1	unknown protein	2.63E-01	1.82	502	7	7	757507	701575	147113	155314	182164	214195	127369	154795	302529	306235	138634	157509
AT5G53620.1	unknown protein	2.64E-01	1.15	368	7	7	115078	183963	76417	66503	81345	70762	138423	116481	89019	112538	104255	123098
AT2G30720.1	Thioesterase/thiol ester dehydrase-isomerase superfamily protein	2.64E-01	1.54	28	1	1	510	1850	11771	10956	8807	7654	7855	12209	10507	2298	15187	15794
AT4G12420.1	SKU5 - Cupredoxin superfamily protein	2.64E-01	1.23	53	2	2	8498	6919	32325	48152	40630	26966	25446	30307	39196	24189	39887	41804
AT5G39740.1	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	2.64E-01	1.92	1889	29	6	9394026	8557346	2027625	2366292	1571232	2045564	1885203	2098805	2701489	3192372	1827560	1816887
AT2G28900.1	OEP16, ATOEP16-L, ATOEP16-1, OEP16-1 - outer plastid envelope protein 16-1	2.64E-01	1.21	187	5	5	123696	115256	393684	389132	500747	455613	378899	414126	399549	297615	533100	377552
AT1G79570.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	2.65E-01	3.67	71	2	1	25915	13062	296	1984	1429	717	459	381	3953	5379	1	1639
AT5G58510.1	unknown protein	2.65E-01	1.30	37	1	1	1792	652	777	781	761	657	1749	481	862	385	39	651
AT1G80500.1	SNARE-like superfamily protein	2.65E-01	1.19	56	1	1	13843	19515	15781	13061	26128	18447	36963	13815	10756	19703	4085	4766
AT2G21380.1;AT4G39050.1	Kinesin motor family protein	2.65E-01	1.17	46	1	1	1042	662	6635	3819	8126	11698	6688	5267	7530	5633	8061	4333
AT1G16950.1	unknown protein	2.65E-01	2.02	24	1	1	7973	8361	320	1033	2796	867	370	535	2489	6097	0	1054
AT3G17750.1	Protein kinase superfamily protein	2.65E-01	1.56	122	2	2	59167	50420	17415	25637	14993	15058	15454	18539	17657	34460	18050	12678
AT5G20280.1;AT4G10120.1;AT5G11110.1	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	2.66E-01	1.15	310	6	5	203532	160690	138706	130757	132552	167689	111960	102093	179747	193985	113536	114006
AT5G35430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.66E-01	2.31	76	2	1	919	2366	3456	10136	13209	6852	0	3256	3333	4150	2420	2838
AT3G03780.1	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	2.68E-01	1.34	752	12	2	19245	19394	26011	34923	34733	44132	38771	20790	37485	24452	63043	54535
AT5G60360.1	SAG2, AALP, ALP - aleurain-like protease	2.68E-01	1.44	27	1	1	169	0	6674	13134	10464	8301	6515	7540	3880	1483	16700	19809
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	2.68E-01	1.23	398	8	7	305723	265184	559602	504160	417529	407048	504951	559505	300833	377828	684337	588811
AT5G47080.2	CKB1 - casein kinase II beta chain 1	2.69E-01	1.31	21	1	1	63626	46796	107087	71051	100501	39343	52392	77360	50020	73428	42694	31201
AT4G20440.1;AT5G44500.1	smB - small nuclear ribonucleoprotein associated protein B	2.70E-01	3.12	65	1	1	121115	129076	8207	9580	12184	21717	8246	10922	23049	36630	10734	7085
AT5G63510.2;AT3G48680.1	GAMMA CAL1 - gamma carbonic anhydrase like 1	2.70E-01	1.19	70	2	2	6014	3686	50251	36015	35058	13133	16887	35098	21299	31920	32191	34436
AT5G19050.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.70E-01	1.34	67	2	2	169211	136432	53323	74687	73347	80986	47187	72460	74760	80313	87083	76806
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	2.70E-01	1.19	294	5	5	214499	207984	472412	489529	325330	294321	287738	516033	366911	312160	408594	501884
AT1G72040.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.70E-01	1.22	71	1	1	30525	28312	6156	7354	6927	6287	12306	26604	22832	18645	13940	10119
AT3G11730.1	ATFP8, ATRABD1, RABD1 - Ras-related small GTP-binding family protein	2.71E-01	1.54	73	2	1	524	471	2783	972	2576	4032	4978	4376	937	1209	4027	1954
AT5G08310.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.71E-01	1.37	26	1	1	3217	3950	8038	14726	6749	17318	13624	26477	8325	8746	8205	8571
AT3G29360.1;AT1G26570.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.71E-01	1.37	349	7	3	70169	58799	210621	112451	125866	84965	55757	75248	65918	90341	105658	90737
AT2G45770.1	CPFTSY, FRD4 - signal recognition particle receptor protein, chloroplast (FTSY)	2.71E-01	1.34	22	1	1	2286	1836	9242	13830	20085	17544	21085	18680	11073	5056	15505	15556
AT1G52370.1	Ribosomal protein L22p/L17e family protein	2.72E-01	1.36	21	1	1	101415	71037	71807	34358	36104	42132	34454	29466	105821	53584	868	37553
AT2G33360.2	Protein of unknown function (DUF3527)	2.72E-01	1.16	26	1	1	6205	4734	17216	35348	9076	13337	18057	17555	14848	11194	19405	18378
AT1G69670.1	CUL3B, ATCUL3B - cullin 3B	2.72E-01	1.16	38	1	1	10	0	3055	2000	1469	949	2856	1660	1310	1086	154	1601
AT5G50000.1	Protein kinase superfamily protein	2.72E-01	3.30	27	1	1	13799	10952	1366	417	1920	3615	639	1130	2101	1694	2405	1755
AT5G16450.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase	2.73E-01	16.95	26	1	1	0	163	1771	1990	603	457	1860	514	316	674	80877	223
AT2G46810.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	2.73E-01	1.18	80	2	1	52085	42717	28477	75839	40700	33098	54702	60614	35695	47724	70469	53065
AT5G60460.1	Preprotein translocase Sec, Sec61-beta subunit protein	2.74E-01	1.33	64	2	2	2429	2219	12273	7815	8312	543	9921	8604	9205	5812	2270	8089
AT1G03630.1	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	2.74E-01	1.15	752	15	9	657374	590124	1662405	1170937	1338462	1409964	1298159	1414469	1183641	1141565	1389062	1439462
AT1G70070.1	EMB25, PDE317, ISE2 - DEAD/DEAH box helicase, putative	2.74E-01	1.31	72	1	1	17838	18944	20296	13575	13038	6563	9256	12412	13517	16006	10205	7724
AT1G21720.1	PBC1 - proteasome beta subunit C1	2.74E-01	1.23	233	4	1	6399	8668	16926	31557	26396	22782	23794	20516	20015	14628	31932	28300
AT3G44890.1	RPL9 - ribosomal protein L9	2.75E-01	1.26	139	3	3	25620	15966	94495	64470	42333	47004	44609	92000	53495	36174	72017	66920
AT3G18130.1;AT1G48630.1	RACK1C_AT - receptor for activated C kinase 1C	2.75E-01	1.31	269	7	4	100701	53028	151056	155149	115246	76973	49372	99341	85127	86622	67247	109677
AT1G26230.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	2.76E-01	1.56	64	2	1	102	237	12051	9218	5702	6904	16410	9641	5838	3272	1372	16704
AT2G36840.1	ACT-like superfamily protein	2.76E-01	7.23	51	2	1	21277	31527	34165	26905	27122	42984	31352	34828	32486	31744	1164213	35158
AT2G42490.1	Copper amine oxidase family protein	2.77E-01	1.16	239	5	5	181325	109152	202043	217937	194189	196056	137201	171461	148578	143643	182803	166768
AT4G22150.1	PUX3 - plant UBX domain-containing protein 3	2.77E-01	1.58	284	4	3	261237	289684	75734	81914	80279	102968	88508	81387	140084	119724	59524	76693
AT1G67280.1	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein	2.77E-01	1.20	78	2	2	20783	27388	31857	57319	52445	50547	63344	44387	44137	31457	46522	59076
AT2G20860.1	LIP1 - lipoic acid synthase 1	2.78E-01	1.18	24	1	1	6632	9592	10854	38141	29935	39149	17415	28481	31889	25715	28911	25750
AT5G10360.1;AT5G10360.2	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	2.78E-01	1.39	360	6	2	133574	126135	54179	53698	37751	48838	36596	34423	41180	46418	131618	36085
AT3G04400.2	emb2171 - Ribosomal protein L14p/L23e family protein	2.78E-01	1.33	81	2	2	120854	107663	61491	47728	61631	40758	50418	38594	75819	105648	28650	32841
AT1G02090.1	FUS5, CSN7, COP15, ATCSN7 - Proteasome component (PCI) domain protein	2.79E-01	1.16	104	3	3	24958	21155	57096	57034	68555	64696	54781	60564	54832	56690	61563	51799
AT1G48850.1;AT1G48850.2	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	2.79E-01	1.13	149	2	2	66154	55163	86925	56799	56098	50000	87271	50621	70156	73592	68561	67799
AT3G02540.1;AT3G02540.2;AT5G16090.1	RAD23-3, RAD23C - Rad23 UV excision repair protein family	2.80E-01	1.23	97	2	2	110550	153232	42812	85387	72234	85157	90038	102786	112002	123922	72536	176677
AT3G51130.1	unknown protein	2.81E-01	1.13	28	1	1	558	1500	5687	6130	13235	25433	15733	12071	8680	5090	11967	5993
AT4G18240.1	ATSS4, SSIV, SS4 - starch synthase 4	2.81E-01	1.18	895	18	16	208518	193206	708654	494052	599102	494937	600402	549734	416284	498869	633596	479109
AT3G50370.1	unknown protein	2.82E-01	1.54	290	5	5	1066129	827654	246756	385568	280176	330156	426782	346365	310521	506806	186688	253256
AT5G03960.1	IQD12 - IQ-domain 12	2.83E-01	1.51	20	1	1	10549	14945	20509	10257	13948	10301	42114	21176	7025	13356	21319	16491
AT3G15840.1	PIFI - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	2.83E-01	1.17	168	4	4	499664	452724	159019	239832	199946	167524	305009	311271	332490	483251	301770	278145
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	2.83E-01	1.49	311	5	5	532724	541178	193360	141269	176483	241478	134676	115209	321429	287793	205327	158496
AT5G10660.1	calmodulin-binding protein-related	2.84E-01	1.15	27	1	1	87795	106874	114482	207319	132619	135194	139715	186261	111287	148874	178658	135888
AT2G09990.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	2.84E-01	1.56	122	3	1	0	88	3455	3117	2329	336	2925	4467	171	455	2172	4330
AT3G26830.1	PAD3, CYP71B15 - Cytochrome P450 superfamily protein	2.84E-01	1.48	66	2	2	5257	7144	6067	26385	12548	13487	9230	17763	1892	3515	7057	8362
AT4G10480.1;AT4G10480.2	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	2.86E-01	3.10	786	10	10	3560785	3433084	341311	257486	315241	337890	223275	258049	290786	918044	207795	259552
AT1G74960.1	FAB1, KAS2, ATKAS2 - fatty acid biosynthesis 1	2.86E-01	1.26	113	2	2	38925	43207	86227	84688	77431	49288	56736	31654	49665	50754	62427	50652
AT1G11430.1	plastid developmental protein DAG, putative	2.87E-01	1.28	73	2	2	90927	87798	71188	123299	148655	146987	138874	63598	191406	128037	163593	171069
AT3G51150.2	ATP binding microtubule motor family protein	2.87E-01	1.68	28	1	1	2611	2492	2347	1307	1496	800	7377	4274	2432	1565	1142	1750
AT3G05910.1;AT3G05910.2	Pectinacetylesterase family protein	2.87E-01	1.20	295	6	6	55697	58651	196880	156457	185844	146336	131095	158066	112380	162588	193212	204901
AT5G55730.1	FLA1 - FASCICLIN-like arabinogalactan 1	2.88E-01	1.79	69	1	1	36911	35060	6831	7898	11905	6373	2664	5972	15621	17509	12019	5006
AT3G50560.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	2.88E-01	1.70	115	3	2	158786	148019	45369	38160	40961	36530	54443	31988	43040	65066	49935	31346
AT5G58040.1;AT3G01750.1	ATFIP1[V], FIPS5, ATFIPS5, FIP1[V] - homolog of yeast FIP1 [V]	2.89E-01	3.49	387	9	9	534894	508902	41990	44587	34721	46819	23834	32489	96054	99214	57976	37761
AT3G06670.1	binding	2.89E-01	1.76	92	2	2	250480	220714	71182	62074	44101	55822	44718	51969	88424	113269	53199	49187
AT1G63610.1	unknown protein	2.89E-01	1.23	43	1	1	6085	21784	29045	27200	31064	19784	21517	32606	33613	19927	24801	33039
AT5G06490.1	RING/U-box superfamily protein	2.89E-01	1.26	21	1	1	92674	92456	179338	170034	185694	80624	56225	211013	98532	175861	58535	37317
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	2.89E-01	1.15	266	5	5	329270	257729	615479	536324	522506	418048	475240	595740	386838	464313	585144	571781
AT4G00830.1;AT4G00830.3	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	2.89E-01	4.18	106	3	3	192265	206245	7128	12382	12627	11202	9222	6550	37949	38415	5556	8048
AT1G65650.1	UCH2 - Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1	2.90E-01	1.24	87	2	2	11475	9997	20657	20333	18977	21859	14384	17307	14212	15964	8017	13427
AT5G10840.1;AT5G25100.1	Endomembrane protein 70 protein family	2.90E-01	1.25	51	2	2	30016	31269	46642	51688	37871	71976	34033	16440	47710	31184	41530	43946
AT5G65010.1;AT5G65010.2	ASN2 - asparagine synthetase 2	2.90E-01	1.19	1089	23	13	1861444	1888089	5559660	4449125	5005523	4284793	5663641	4776588	3460332	3746544	5518896	4157698
AT2G39990.1	EIF2, AteIF3f, eIF3F - eukaryotic translation initiation factor 2	2.90E-01	1.15	643	11	11	715432	706687	1529376	1439568	1382117	1841035	1484062	1525200	1382889	1355670	1755892	1227183
AT2G21070.1	FIO1 - methyltransferases	2.90E-01	1.84	21	1	1	128767	139684	14908	36571	46546	57775	39117	25330	74475	32701	32827	26680
AT3G51420.1	SSL4, ATSSL4 - strictosidine synthase-like 4	2.90E-01	1.87	52	1	1	1624	1043	2270	4088	7589	7704	1602	1327	3077	2646	2564	1821
AT1G20300.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	2.91E-01	8.68	30	1	1	0	15429	0	694	0	221	0	0	0	1884	0	0
AT3G15640.1;AT1G80230.1	Rubredoxin-like superfamily protein	2.91E-01	1.13	71	2	2	145449	173260	150656	137007	140977	107629	118658	110682	163312	176888	81266	103919
ATCG00430.1	PSBG - photosystem II reaction center protein G	2.91E-01	1.31	92	1	1	16681	15261	29344	13419	28555	27720	33172	51835	24270	14838	23826	24014
AT2G03390.1;AT2G03390.2	uvrB/uvrC motif-containing protein	2.92E-01	1.12	822	9	9	702286	743226	1113239	893848	845233	609758	805120	1134801	723852	993702	912368	913143
AT5G12860.1;AT5G12860.2	DiT1 - dicarboxylate transporter 1	2.92E-01	1.89	30	1	1	2355	3584	16425	12616	12556	2536	4267	9547	1582	5044	3383	2665
AT3G05070.1	unknown protein	2.92E-01	1.61	64	1	1	18837	19912	5173	8409	5806	22703	0	6940	13940	16982	5640	6839
AT1G47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	2.92E-01	1.21	126	2	2	46134	72527	46993	43725	48905	29976	19175	46930	30089	62883	43755	34827
AT1G22410.1	Class-II DAHP synthetase family protein	2.92E-01	1.15	468	9	8	514650	465905	816530	794359	673364	556703	560143	696439	437631	510448	523753	594734
AT5G46860.1	VAM3, ATVAM3, SYP22, ATSYP22, SGR3 - Syntaxin/t-SNARE family protein	2.92E-01	1.50	66	2	2	4532	3860	21784	14792	14254	18577	32296	25703	8542	7418	14573	27938
AT1G33050.1	unknown protein	2.93E-01	2.77	111	1	1	86249	96587	7937	10961	11462	9762	12480	8806	17268	28161	5211	8552
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	2.94E-01	1.14	440	10	10	230512	224708	488381	414251	429665	268852	420933	400823	306709	398433	469389	346811

AT2G38580.1	Mitochondrial ATP synthase D chain-related protein	2.94E-01	1.20	24	1	1	4980	4324	5733	2921	4034	4022	4221	2210	7417	3814	652	3316
AT4G33620.1	Cysteine proteinases superfamily protein	2.95E-01	2.01	27	1	1	2447	1443	11977	11516	15251	4045	1281	1566	5097	5841	6247	3188
AT1G16270.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	2.95E-01	2.21	55	2	1	7458	5364	1143	453	1419	381	348	932	3079	2038	0	926
AT2G17265.1	HSK, DMR1 - homoserine kinase	2.96E-01	1.13	27	1	1	4095	2913	6873	48906	51943	50767	36913	23103	19649	14931	47888	44768
AT1G63130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.96E-01	1.54	23	1	1	30702	19608	3032	32746	13645	19523	34997	47586	13785	22211	11104	53425
AT5G59150.1	ATRABA2D, ATRAB-A2D, RABA2D - RAB GTPase homolog A2D	2.96E-01	1.48	227	6	1	2665	3774	12169	3125	7191	6049	6943	3643	2633	3797	4492	2180
AT3G63170.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein	2.96E-01	1.43	48	1	1	12652	12301	7318	12950	18467	15466	21445	16474	16277	5940	30050	23323
AT2G16485.1	nucleic acid binding;zinc ion binding;DNA binding	2.97E-01	1.35	105	3	3	81619	77061	32064	31847	29285	42574	17587	28787	51733	57555	26439	35839
AT1G16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	2.97E-01	1.10	536	10	10	296024	351607	494796	458317	494138	407516	435759	483823	371043	448797	535106	483898
AT1G19920.1	APS2, ASA1 - Pseudouridine synthase/archaeosine transglycosylase-like family protein	2.97E-01	1.58	64	2	1	210	222	5415	2647	3342	485	5540	3409	2927	1593	292	5766
AT5G24770.1;AT5G24780.1	VSP2, ATVSP2 - vegetative storage protein 2	2.98E-01	1.27	42	1	1	1225	222	16311	8960	15447	12041	6437	16565	11098	3992	12572	17938
AT1G07770.1;AT2G39590.1	RPS15A - ribosomal protein S15A	2.98E-01	1.16	239	6	2	32711	29460	139318	106102	66967	40155	70265	85243	54015	80014	102749	90192
AT4G14110.1	COP9, CSN8, FUS7, EMB143 - COP9 signalosome, subunit CSN8	2.98E-01	1.17	155	3	3	32289	39992	66044	77827	64020	65141	48236	67305	56787	65349	87943	77715
AT4G02080.1;AT1G02620.1;AT1G09180.1;AT3G(	ASAR1, ATSARA1C, ATSAR2, SAR2 - secretion-associated RAS super family 2	2.98E-01	1.20	680	14	5	70806	67642	79569	119169	165510	213630	209531	117266	177222	109687	136285	108726
AT5G57890.1	SKIP1 - SKP1 interacting partner 1	2.98E-01	1.29	27	1	1	82611	40465	53492	108316	35097	66360	50854	139919	51173	107005	81859	68960
AT4G34160.1	CYCD3;1, CYCD3 - CYCLIN D3;1	2.98E-01	2.99	24	1	1	112	0	1016	3637	1215	1749	11911	4706	197	114	3477	2718
AT2G35530.1	bZIP16, AtbZIP16 - basic region/leucine zipper transcription factor 16	2.98E-01	2.20	86	2	2	368581	278630	34593	55344	68980	77656	56668	65395	79603	88896	45718	64711
AT4G16360.3;AT4G16360.1;AT4G16360.2	5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	2.99E-01	1.21	102	3	3	199061	159608	93706	122977	92793	97821	85984	100590	111343	131517	114262	87888
AT3G47940.1	DNAJ heat shock family protein	2.99E-01	1.01	20	1	1	148	0	3098	5713	7080	907	1841	1489	884	4913	2695	5251
AT2G47110.1;AT1G23410.1;AT1G31340.1	UBQ6 - ubiquitin 6	3.01E-01	1.36	163	4	3	131048	119646	52253	67693	39441	58050	43134	47072	74062	85606	45958	48538
AT5G08160.1	ATPK3, PK3 - serine/threonine protein kinase 3	3.01E-01	1.39	39	1	1	0	0	6247	10008	10627	7431	2570	8904	753	2410	5403	4582
AT4G18905.1;AT4G18905.2	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.01E-01	2.75	46	1	1	20154	11457	30	1059	3853	1959	1715	23	4601	6905	0	742
AT5G22640.1;AT5G22640.2	emb1211 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	3.02E-01	1.82	413	9	9	1317018	1232001	261278	190614	330041	351898	222500	133594	620279	490016	374530	185369
AT5G19990.1;AT5G20000.1	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	3.02E-01	1.17	859	18	16	349962	370509	1105726	723503	794170	509516	752360	760577	511024	657489	988939	855940
AT1G67310.1	Calmodulin-binding transcription activator protein with CG-1 and Ankyrin domains	3.02E-01	12.37	22	1	1	1992	799	4940	2431	3088	8813	3532	2991	4341	2988	256236	2778
AT5G42490.1	ATP binding microtubule motor family protein	3.03E-01	1.24	27	1	1	16919	13974	46156	42891	30034	11436	59289	30099	28654	33182	20780	28482
AT3G09740.1	SYP71, ATSYP71 - syntaxin of plants 71	3.03E-01	1.23	28	1	1	58572	95562	61305	77978	38462	48245	53503	41640	38117	27166	78197	70134
AT5G22550.1	Plant protein of unknown function (DUF247)	3.04E-01	1.53	21	1	1	560836	738724	177001	210188	206975	194166	124192	178397	373010	346848	172304	165600
AT5G54750.1;AT5G54750.2	Transport protein particle (TRAPP) component	3.04E-01	1.16	231	5	5	187112	170496	272313	455729	478796	558653	415328	498305	396130	296360	452083	404527
AT5G17510.1	unknown protein	3.05E-01	1.47	66	2	2	250762	224206	119340	62814	80418	80672	55752	56567	110580	115613	140730	75772
AT4G29040.1	RPT2a - regulatory particle AAA-ATPase 2A	3.05E-01	1.51	747	15	1	948	1167	32324	14837	10177	595	27889	17555	9385	6397	1003	28492
AT3G10420.2;AT3G10420.1	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.06E-01	1.41	280	5	5	192325	221705	66098	75422	101852	78906	75547	73569	107620	97984	79111	89219
AT1G61390.1	S-locus lectin protein kinase family protein	3.06E-01	1.34	23	1	1	656172	867759	807047	1959288	1909463	3453444	2796080	1694478	1810652	744518	2848856	3006080
AT1G51650.1	ATP synthase epsilon chain, mitochondrial	3.07E-01	1.18	169	3	3	52865	32948	109236	44166	81752	71090	62236	55594	108860	84215	73134	77919
AT4G26690.1	SHV3, MRH5, GPDL2 - PLC-like phosphodiesterase family protein	3.07E-01	1.21	106	2	1	4	1623	541	4998	3551	3683	1591	4692	3578	1314	2350	3960
AT5G57010.1	calmodulin-binding family protein	3.08E-01	1.31	49	2	2	68495	69302	45799	163901	66389	92759	64739	59180	62125	59844	87494	52055
AT3G47340.1	ASN1, DIN6, AT-ASN1 - glutamine-dependent asparagine synthase 1	3.09E-01	1.35	109	3	1	4217	2674	22519	16868	20456	13803	27731	26428	11191	6906	16825	19684
AT5G38410.1;AT5G38410.2;AT5G38410.3;AT5G:	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	3.12E-01	1.21	984	16	3	1101461	1418186	4260247	3928733	4288724	4026148	3603755	4428416	2682177	2767303	5284577	4229384
AT1G15980.1	NDF1, NDH48 - NDH-dependent cyclic electron flow 1	3.13E-01	1.22	21	1	1	8408	7595	21592	14111	21491	5035	19876	15155	19841	13048	8496	18814
AT5G18570.2	EMB269, ATOBGC, CPSAR1 - GTP1/OBG family protein	3.13E-01	1.93	197	2	2	298386	233483	40406	38145	49261	92078	40840	45791	115101	119033	26460	41832
AT1G11650.2;AT1G11650.1	ATRBP45B, RBP45B - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.13E-01	1.13	497	9	9	867005	880530	2054450	1698599	1788960	1542034	1777096	1381811	1552245	1671807	2070029	1570815
AT1G23900.1;AT1G23940.1	GAMMA-ADAPTIN 1, Gamma-ADR - gamma-adaptin 1	3.13E-01	1.62	102	3	2	6106	7177	29063	14574	19976	5293	7097	9970	11668	6937	2557	12533
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	3.14E-01	1.14	361	6	6	126009	99728	209270	378075	287072	360585	297181	296530	257234	225225	305664	288884
AT2G32550.1	Cell differentiation, Rcd1-like protein	3.14E-01	3.83	21	1	1	58	0	2018	909	1230	0	6354	4046	848	585	0	4313
AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit, putative / gamma-2 coat protein, putative / gamma-2 COP, putative	3.14E-01	1.36	1328	21	21	938019	999720	2817192	2280136	2715510	2110765	1590201	1747572	1288853	1339039	1443553	1333858
AT4G25100.4	FSD1 - Fe superoxide dismutase 1	3.15E-01	1.39	182	3	1	3211	2442	5731	2690	3547	1168	3113	2244	1687	1397	2927	2149
AT1G74910.1;AT1G74910.3;AT2G04650.1	ADP-glucose pyrophosphorylase family protein	3.16E-01	1.23	78	2	2	2164	2260	17622	10231	13328	5194	15475	14673	6042	6683	12226	7201
AT1G69830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	3.16E-01	1.15	1090	23	23	480556	441953	1259769	1001196	1214061	1155768	1184281	1232784	805469	952146	1181120	1056420
ATCG00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	3.17E-01	1.13	76	2	2	49441	39018	96378	71596	69734	43797	86622	54954	61411	77916	67916	70430
AT5G39760.1	AtHB23, HB23, ZHD10 - homeobox protein 23	3.17E-01	1.84	31	1	1	41187	49571	6383	6722	15297	9031	7569	7455	18401	26262	7747	2384
AT2G13360.1	AGT, AGT1, SGAT - alanine:glyoxylate aminotransferase	3.17E-01	1.14	1105	17	17	1616956	1753590	4861790	3743024	4714577	2989375	4552786	3644795	3865035	3289745	3811762	3255567
AT3G06650.1	ACLB-1 - ATP-citrate lyase B-1	3.17E-01	1.15	876	16	6	123719	190310	384188	304744	280846	271781	391344	321835	280663	272754	283411	237581
AT1G63020.1	NRPD1A, POL IVA, SDE4, NRPD1, SMD2 - nuclear RNA polymerase D1A	3.17E-01	1.34	31	1	1	55113	169246	62115	155269	104468	133704	97083	96459	74356	40346	118962	78899
AT2G43790.1	ATMPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	3.18E-01	1.17	657	12	12	401217	459918	1086581	1090809	1503112	1362755	1430177	1186407	967166	826689	1394869	1125519
AT1G50500.2;AT1G50500.1	HIT1 - Membrane trafficking VPS53 family protein	3.19E-01	1.27	75	2	2	39746	34585	43598	61543	76870	96156	47045	54119	43343	40191	45954	46056
AT2G30860.1	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	3.19E-01	1.29	66	2	2	30384	34001	54005	69084	65977	56757	81314	33669	66552	40592	92524	85999
AT5G20010.1	RAN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	3.19E-01	1.09	295	7	7	360649	337542	500226	432453	379267	423471	363158	373082	350424	279677	456136	401078
AT5G09850.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	3.19E-01	1.41	206	3	3	254108	223369	104218	75051	77329	107358	88710	78924	125460	123283	79240	100434
AT1G27090.1	glycine-rich protein	3.21E-01	1.21	186	4	4	12627	10982	23919	29041	32688	18186	25805	19073	24083	18918	42688	23545
AT2G32540.1	ATCSLB04, CSLB04, ATCSLB4 - cellulose synthase-like B4	3.21E-01	1.27	22	1	1	180510	166235	80907	237836	271007	190376	125100	263843	106064	120621	155410	114023
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	3.21E-01	1.16	878	16	16	399826	364791	997006	844174	928045	1061986	1073222	788006	893025	699970	1057656	797216
AT5G42970.1	COP8, FUS4, EMB134, COP14, CSN4, FUS8, ATS4 - Proteasome component (PCI) domain protein	3.21E-01	1.13	263	6	6	115813	95486	140837	218153	140678	176194	188050	175291	135167	140348	203499	156100
AT3G05000.1	Transport protein particle (TRAPP) component	3.22E-01	1.17	56	1	1	37758	32650	54716	76386	56545	86989	58604	87342	45724	57685	84749	71077
AT4G16450.1	unknown protein	3.23E-01	1.21	151	3	3	46797	49069	145029	113049	159434	92935	106020	213591	92564	113033	109059	101964
AT3G01540.1;AT5G14610.1	DRH1, ATDRH1 - DEAD box RNA helicase 1	3.23E-01	2.52	107	2	2	137468	125331	15589	24047	13795	14956	36788	25716	14725	25503	10383	18169
AT2G07090.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	3.23E-01	1.26	341	6	6	399163	331523	144055	193728	176056	222434	182917	199702	240985	205152	177061	154893
AT4G33740.1	unknown protein	3.23E-01	3.49	380	6	6	252211	252021	17402	9824	20847	25655	8818	9254	54754	38590	42345	12068
AT4G08350.1	GTA02, GTA2 - global transcription factor group A2	3.24E-01	2.21	293	6	5	560430	583333	106638	72885	65468	97839	75896	83695	189595	203022	60266	59287
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	3.24E-01	1.17	1813	34	9	616249	676648	1838706	1858470	2309835	2875695	2163512	2018944	1854311	1267973	2554389	2096875
AT1G48600.2;AT3G18000.1	PMEAMT, AtPMEAMT - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	3.24E-01	1.28	130	3	2	14543	6296	41770	30206	43525	24141	50175	46525	15290	26417	32707	34565
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	3.24E-01	1.19	435	9	7	176327	198541	669710	555883	678073	519793	671037	528519	449908	363475	659809	645548
AT4G29440.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	3.24E-01	1.24	759	15	13	2933370	3675072	7756115	4801228	6674952	4121529	6306866	4199994	3428429	4401659	2891454	2859797
AT1G54490.1	AIN1, EIN5, XRN4, ATXRN4 - exoribonuclease 4	3.25E-01	1.85	41	1	1	0	0	574	4626	5212	5212	246	1787	2640	1224	1329	1205
AT3G11270.1;AT3G11270.2	MEE34 - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	3.25E-01	1.49	237	6	1	8845	12209	25611	35344	18572	26342	49667	36890	17905	8840	44436	31105
AT5G64390.1	HEN4 - RNA-binding KH domain-containing protein	3.25E-01	2.60	30	1	1	8813	9438	1636	380	992	26164	1116	869	1567	404	13226	1047
AT5G49510.1	PFD3 - prefoldin 3	3.25E-01	1.14	128	2	2	8130	17663	23203	19879	21283	32476	21031	25279	23592	24333	25503	19562
AT1G63770.5;AT1G63770.1;AT1G63770.2	Peptidase M1 family protein	3.27E-01	1.37	38	1	1	6256	5111	34746	38432	19744	23994	47527	10687	15163	25292	34463	42924
AT5G53460.1	GLT1 - NADH-dependent glutamate synthase 1	3.27E-01	11.01	57	2	1	86	4	67	0	137	205	66	145	64	14	5171	22
AT3G21290.1	dentin sialophosphoprotein-related	3.27E-01	1.27	23	1	1	10044	9258	16145	8198	12665	495	8810	9122	10015	9380	21038	13969
AT1G60860.1	AGD2 - ARF-GAP domain 2	3.28E-01	1.50	22	1	1	13124	35620	108286	103530	80886	64434	123179	156208	59869	23843	115020	130031
AT5G56950.1	NFA03, NFA3, NAP1;3 - nucleosome assembly protein 1;3	3.28E-01	1.46	412	7	3	575890	462974	180943	194910	161981	154115	146958	148776	269506	318537	144354	157761
AT1G65030.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.28E-01	1.46	21	1	1	257929	168574	57125	75501	74089	94961	66460	74412	110823	123626	56675	66425
AT3G19960.1	ATM1 - myosin 1	3.29E-01	2.39	57	2	1	24240	16636	2536	2123	2667	4331	2504	4117	6659	4178	2763	1757
AT3G27700.1	zinc finger (CCCH-type) family protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	3.30E-01	3.34	110	2	2	38917	36254	1546	3372	1726	5190	1773	1785	8862	9785	2323	1545
AT5G46800.1	BOU - Mitochondrial substrate carrier family protein	3.30E-01	1.20	300	5	5	16619	33517	138659	162270	128723	90704	167425	114626	77233	70881	118498	135479
AT1G54140.1	TAFII21, TAF9 - TATA binding protein associated factor 21kDa subunit	3.31E-01	1.97	31	1	1	8732	5144	334	2680	1152	1830	2075	3755	379	1278	103	2493
AT2G16640.1	ATTOC132, TOC132 - multimeric translocon complex in the outer envelope membrane 132	3.31E-01	3.15	83	2	2	63960	57582	3129	3291	6116	7174	3899	2521	14381	11550	11002	1428
AT3G45780.1	PHOT1, NPH1, JK224, RPT1 - phototropin 1	3.32E-01	1.55	2619	45	39	7862993	6716191	2155547	2112435	2233703	1987782	1940463	1978190	3356453	3761826	2068267	1793439
AT3G54540.1	ATGCN4, GCN4 - general control non-repressible 4	3.34E-01	1.40	145	2	2	106198	95533	32731	34269	39665	40877	30599	29104	58433	49145	59321	23374
AT1G08480.1	unknown protein	3.36E-01	1.19	35	1	1	0	141	4614	11403	10366	6025	3213	1612	5145	8054	5436	3858
AT3G09090.1	DEX1 - defective in exine formation protein (DEX1)	3.37E-01	1.27	98	3	1	7853	13720	7199	13364	17145	26775	12483	34674	16774	11137	15064	18741
AT2G37620.1	ACT1, AAc1 - actin 1	3.37E-01	1.20	1957	39	3	309306	295377	599792	511251	622446	410286	309055	393857	348167	407929	446258	391464
AT5G63550.1;AT5G63550.2	DEK domain-containing chromatin associated protein	3.37E-01	1.30	29	1	1	7726	7635	5612	2441	2576	380	4021	2390	11014	7155	5307	4346
AT5G13030.1	unknown protein	3.38E-01	1.21	107	2	2	9720	8951	5326	26159	13867	8071	17251	20216	8148	9121	17788	15051
AT1G22080.1	Cysteine proteinases superfamily protein	3.38E-01	4.32	25	1	1	23487	80669	2560	4104	2410	2828	1210	10512	3231	3145	4271	4526

AT4G08320.1	TPR8 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.39E-01	1.42	128	2	2	7644	7386	16867	12771	15525	29224	51600	16295	14018	10446	14049	20848
AT2G27530.1	PGY1 - Ribosomal protein L1p/L10e family	3.40E-01	1.24	25	1	1	22601	12347	16344	14127	10715	12749	15360	14162	12477	13344	25	16178
AT4G24440.1	transcription initiation factor IIA gamma chain / TFIIA-gamma (TFIIA-S)	3.40E-01	1.25	26	1	1	106839	77071	33786	64840	62548	47252	36310	43241	42387	84665	47680	58400
AT4G32960.1	unknown protein	3.41E-01	1.20	56	1	1	8285	15554	36273	30172	21841	23869	41195	31456	17551	23448	27070	22472
AT5G45520.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	3.41E-01	1.24	26	1	1	598869	823284	1223784	1124697	747956	336585	767995	1604967	546571	1066192	942913	1072253
AT5G46190.1	RNA-binding KH domain-containing protein	3.42E-01	1.28	27	1	1	113727	90251	256131	108229	158382	203359	213098	139737	113442	118752	11790	129217
AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	3.43E-01	1.49	416	9	9	1245439	1117893	294303	471744	332125	479095	319119	372690	585650	645525	365444	360207
AT1G34570.1;AT3G15750.1	Essential protein Yae1, N-terminal	3.43E-01	1.37	129	3	3	95934	70414	30038	39271	27235	33089	30486	32743	54976	49719	23199	24971
AT3G63140.1	CSP41A - chloroplast stem-loop binding protein of 41 kDa	3.44E-01	2.60	36	1	1	3228	1154	3577	2962	1506	130	5667	3066	732	926	20004	2300
AT3G50690.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	3.45E-01	1.19	20	1	1	56509	45263	72240	26475	27287	105313	45994	53653	48801	62471	87417	98351
AT3G25420.1	scpl21 - serine carboxypeptidase-like 21	3.46E-01	1.12	25	1	1	31099	35794	43284	32442	40468	38773	50472	44811	50018	30165	35323	36875
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	3.47E-01	1.24	207	5	4	21888	18701	41633	39256	44402	49969	29520	22129	20043	16883	59138	26614
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	3.47E-01	1.16	155	3	2	34416	28264	88849	52814	52200	47690	64903	40918	50679	47479	71161	77854
AT5G61480.1	PXY - Leucine-rich repeat protein kinase family protein	3.47E-01	1.36	21	1	1	68190	84129	189531	163444	168550	63314	56576	222853	153071	262461	191645	118242
AT5G26160.1	unknown protein	3.48E-01	1.48	23	1	1	36241	45886	124456	140599	74543	37131	36648	61527	57113	48266	62608	44398
AT4G02120.1	CTP synthase family protein	3.48E-01	1.27	68	2	1	897	1770	4099	9192	5041	6936	5771	2703	9242	5295	3517	8832
AT1G20540.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	3.49E-01	1.25	73	2	2	14460	12762	28561	19165	26376	11221	21664	14874	14688	13882	14162	11005
AT5G12840.2	HAP2A, ATHAP2A, NF-YA1 - nuclear factor Y, subunit A1	3.49E-01	2.81	28	1	1	68601	77176	5352	6657	6722	8720	6447	12085	14380	20825	4074	3765
AT1G80130.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.49E-01	1.92	40	1	1	23633	19243	1387	3712	5184	6424	543	2294	11203	8845	4721	3456
AT4G24200.1	Transcription elongation factor (TFIIS) family protein	3.49E-01	1.47	22	1	1	9564	10826	3613	2340	2676	3702	1610	2604	6653	6381	2984	1953
AT5G61140.2	U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase	3.50E-01	1.18	25	1	1	5809	5852	5091	6057	7860	11426	7727	4900	8185	5504	4837	4445
AT3G23490.1	CYN - cyanase	3.51E-01	1.46	48	1	1	89073	107326	39596	25286	39768	30228	51487	38453	25637	30459	35599	45133
AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	3.52E-01	3.82	306	5	1	40918	19807	1084	2493	2219	3865	2564	2363	5564	2276	2255	3415
AT5G20990.1	B73, SIR4, CNX, CHL6, CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molybdenum cofactor biosynthesis enz	3.53E-01	1.32	180	4	4	4734	6187	31108	21413	17806	13130	40041	19564	10351	9708	20915	24192
AT3G11930.1;AT3G11930.3	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	3.53E-01	1.15	501	7	6	1448260	1498548	4760313	3614920	3854206	3423566	3360196	4073259	2611882	2971404	4337896	3977617
AT5G13260.1	unknown protein	3.53E-01	1.55	233	4	4	513170	443021	141806	143956	103162	185583	117206	120273	189777	249439	197815	115692
AT1G08190.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	3.54E-01	1.36	258	4	4	414576	339882	130399	90313	92196	132112	62018	93001	104485	144596	429548	48098
AT3G59970.3;AT3G59970.1	MTHFR1 - methylenetetrahydrofolate reductase 1	3.54E-01	1.12	191	5	4	23755	14821	70443	57421	81284	54631	50238	57047	59017	51231	64038	57678
AT2G30930.1	unknown protein	3.55E-01	1.12	107	1	1	23890	31040	48595	37845	44001	21045	47080	42844	30756	36548	37337	35666
AT3G29310.1	calmodulin-binding protein-related	3.56E-01	2.21	49	2	2	21472	23894	3865	3739	2051	4391	3612	2979	7602	6038	1995	4660
AT5G15200.1;AT5G15200.2;AT5G39850.1	Ribosomal protein S4	3.57E-01	1.07	301	7	7	702744	744806	732204	603055	600029	485374	752290	702548	717016	744664	672718	562845
AT3G17170.1	RFC3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	3.58E-01	1.15	192	4	4	348202	274091	36540	63098	79217	107677	149690	130172	298330	236584	128793	102428
AT2G17190.1	ubiquitin family protein	3.60E-01	1.16	70	2	2	41194	46906	97909	72719	71964	97281	79640	51731	92176	71511	110518	91861
AT4G12850.2	Far-red impaired responsive (FAR1) family protein	3.61E-01	1.18	21	1	1	9155	6591	6091	3842	6698	7111	6598	4432	10166	5400	1213	5611
AT2G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	3.61E-01	1.14	215	4	4	341567	348381	272999	307506	204933	233229	308596	232203	355482	468786	295830	285087
AT3G20810.1;AT3G20810.2	JMJD5 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	3.62E-01	1.21	173	4	3	10587	11702	38343	43139	49023	52412	53164	42785	29914	27724	65327	28949
AT2G44530.1	Phosphoribosyltransferase family protein	3.62E-01	1.13	585	11	8	240818	240249	698872	580760	538337	453757	616750	578665	412090	431360	543830	518296
AT5G48620.1;AT5G43470.1	Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	3.64E-01	1.72	92	3	3	6650	9692	39258	30919	55038	26275	9535	22795	20011	18626	13350	13177
AT4G12650.1	Endomembrane protein 70 protein family	3.64E-01	1.31	64	1	1	6558	15454	7589	17810	21125	16128	8805	12007	9606	6872	11849	15353
AT1G80660.1	AHA9, HA9 - H(+)-ATPase 9	3.64E-01	1.30	117	4	1	13280	19127	14969	57594	28699	29979	14943	7955	17757	7258	47112	30998
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	3.65E-01	1.54	383	6	2	110524	106085	19953	17114	15590	15193	5424	11545	55032	93214	12078	7593
AT1G77410.1	BGAL16 - beta-galactosidase 16	3.67E-01	1.61	30	1	1	5669	11746	46117	39123	40063	22323	5384	11829	34170	23179	10856	17060
AT1G04410.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein	3.67E-01	1.11	61	2	1	7222	83228	30083	20711	22838	31462	34224	36820	29073	33714	55570	26755
AT3G29320.1	Glycosyl transferase, family 35	3.67E-01	1.12	238	4	4	83537	72167	218675	174837	226502	139866	167444	201344	127540	189507	172820	169375
AT1G29880.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase	3.68E-01	1.40	23	1	1	602	401	4559	4642	5592	5689	4367	938	5763	3529	9514	5890
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	3.68E-01	1.21	191	3	3	261713	204969	481040	335833	311913	190573	345233	239705	172022	213132	204870	306555
AT5G21326.1	Ca2+regulated serine-threonine protein kinase family protein	3.69E-01	1.26	26	1	1	57185	61011	65711	28409	52100	24399	54801	49768	22042	40541	32309	29958
AT4G33630.1	EX1 - Protein of unknown function (DUF3506)	3.69E-01	2.03	101	2	2	143034	111677	22275	19383	32407	12408	34736	16327	40899	51837	13523	11134
AT3G43300.1;AT3G43300.2	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	3.70E-01	1.30	637	14	14	119926	118910	299866	239097	277023	350851	191944	215317	154211	157560	182899	175932
ATCG00770.1	RPS8 - ribosomal protein S8	3.71E-01	1.14	202	4	4	200675	237830	221728	314736	211420	204171	311607	283749	180780	195287	350471	268582
AT1G73790.1	Protein of unknown function (DUF3743)	3.71E-01	1.35	21	1	1	52234	42820	28533	28799	21849	11705	27605	8664	25976	30254	23424	21489
AT4G00620.1	Amino acid dehydrogenase family protein	3.71E-01	1.20	35	1	1	0	452	2212	3210	3149	3004	3597	2605	2877	2579	328	2412
AT1G17070.1	GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein with Tuftelin interacting domain	3.72E-01	3.41	191	4	4	336084	341062	14999	27817	23902	42956	21439	31213	52378	74103	24481	27363
AT1G75820.1	CLV1, FAS3, FLO5, ATCLV1 - Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	3.72E-01	1.35	22	1	1	55385	44754	39116	23244	10226	22336	7795	50535	14736	32981	24722	13374
AT3G18860.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	3.72E-01	1.28	62	2	1	2271	1669	13730	10390	7808	11154	15015	13686	6964	6550	3964	13924
AT1G65930.1;AT1G54340.1;AT5G14590.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	3.73E-01	1.09	296	6	6	62285	47480	61046	57322	59862	44638	57779	43317	41502	41154	65486	56348
AT1G51690.1;AT1G51690.2	ATB ALPHA, B ALPHA - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	3.73E-01	1.10	601	12	11	244608	244981	489961	483754	530515	517518	424122	469245	417383	462536	510196	477226
AT3G12250.1;AT3G12250.4	TGA6, BZIP45 - TGACG motif-binding factor 6	3.73E-01	1.80	58	1	1	17929	13379	1957	4091	3557	3581	4754	5857	4766	5826	1271	2188
AT1G53210.1	sodium/calcium exchanger family protein / calcium-binding EF hand family protein	3.74E-01	1.21	60	2	1	2737	240	3255	4902	2688	2218	2848	4664	2426	4823	2755	1926
AT3G27160.1	GHS1 - Ribosomal protein S21 family protein	3.74E-01	1.13	109	2	2	36083	32269	35821	18376	20570	26867	24802	24553	38384	32065	39914	31822
AT3G59070.1	Cytochrome b561/ferric reductase transmembrane with DOMON related domain	3.74E-01	1.46	25	1	1	7085	4808	14871	28591	20011	12992	9811	2459	12486	10347	8189	17320
AT5G57120.1	unknown protein	3.74E-01	1.49	37	1	1	7147	7559	1368	2976	1325	3554	4202	883	5345	3074	1698	807
AT5G51350.1	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase family protein	3.74E-01	3.86	23	1	1	149916	149630	8518	11679	8217	12197	13571	12004	19420	16098	17459	9670
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	3.75E-01	1.17	41	1	1	18165	19219	6768	4882	9188	5578	15141	8044	19041	14006	8734	9874
AT1G33360.1	ATP-dependent Clp protease	3.75E-01	1.37	24	1	1	20478	13507	52967	33148	46914	20787	28338	22301	17933	27995	22321	18390
AT2G29690.1	ASA2, ATHANSYNAB - anthranilate synthase 2	3.76E-01	1.12	66	2	2	25888	20250	53780	50594	40627	30402	39674	49068	30924	36425	46898	44995
AT1G67360.1	Rubber elongation factor protein (REF)	3.76E-01	1.55	27	1	1	25398	17939	2800	11479	8987	13896	4009	9014	15155	11065	5299	7322
AT4G18070.1	unknown protein	3.76E-01	1.43	88	1	1	47849	45419	15544	16563	11945	27259	14690	19357	16540	26180	24056	14520
AT5G49020.2;AT5G49020.1	ATPRMT4A, PRMT4A - protein arginine methyltransferase 4A	3.77E-01	1.12	660	9	5	53297	56575	206696	142387	185766	173958	169668	153111	147360	113359	190125	147160
AT1G61000.1	unknown protein	3.77E-01	1.33	25	1	1	14048	11899	42091	24915	31945	40110	31548	24817	20180	21697	2134	23459
AT4G33625.1	unknown protein	3.77E-01	3.08	23	1	1	1017	423	148	547	559	14672	30	320	1555	3275	383	73
AT3G03580.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.77E-01	2.61	23	1	1	16297	11662	4759	4063	2290	162	3703	3967	1539	3485	17	2336
AT1G33020.1	F-box and associated interaction domains-containing protein	3.78E-01	1.88	27	1	1	161223	211875	12168	13784	4075	12271	0	10181	74166	101994	29668	4420
AT4G00680.1	ADF8 - actin depolymerizing factor 8	3.78E-01	1.67	25	1	1	24625	20218	5917	2910	4036	3193	2292	1981	7133	5619	17569	1832
AT1G19140.1	unknown protein	3.79E-01	1.13	41	1	1	16037	12201	29212	24201	29739	24423	35918	26531	21042	23011	21440	25461
AT5G63750.1	ATARI13, ARI13 - RING/U-box superfamily protein	3.79E-01	1.22	24	1	1	7043	3566	10727	15913	6788	6130	4473	711	5029	4662	10888	15340
AT3G45850.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.81E-01	1.14	22	1	1	48500	42305	16361	23584	29705	63729	48936	36460	58931	32980	47041	32178
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH:cytochrome B5 reductase 1	3.81E-01	1.34	27	1	1	15910	26353	25837	69600	46841	36795	19978	24132	28834	17958	41273	32530
AT5G57460.1	unknown protein	3.81E-01	1.22	22	1	1	12161	18055	32491	29914	19709	19505	27543	34476	12428	22957	36281	27395
ATCG00420.1	NDHJ - NADH dehydrogenase subunit J	3.81E-01	1.15	150	3	3	66158	81151	233872	221672	210996	171926	183050	235633	138804	144029	246580	183624
AT3G18640.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	3.82E-01	2.49	290	4	4	155398	143766	15843	13480	15582	26284	13441	12567	37123	42756	25873	16941
AT4G18880.1	AT-HSFA4A, HSF A4A - heat shock transcription factor A4A	3.82E-01	2.13	24	1	1	23934	21935	605	6051	1912	3454	280	3437	12588	7451	446	2934
AT2G28830.1;ATCG00790.1	PUB12, AtPUB12 - PLANT U-BOX 12	3.82E-01	2.25	103	2	1	414172	18834	150318	69589	122844	50863	37152	79949	65904	60797	54602	69213
AT3G07630.1	ADT2 - arogenate dehydratase 2	3.83E-01	1.12	314	5	3	139080	81184	198351	144743	165521	126134	175382	182583	114981	139883	153989	189793
AT2G15690.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	3.83E-01	2.17	23	1	1	398	329	9339	3977	6150	1481	0	2374	1259	1323	2179	2833
AT5G56360.1	PSL4 - calmodulin-binding protein	3.83E-01	1.87	1046	16	16	2422385	2086350	346557	351976	450528	510477	263070	312451	811345	824689	766412	325456
AT3G61140.1	FUS6, ATFUS6, CSN1, COP11, EMB78, ATSK31, SK31 - 26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome com	3.85E-01	1.13	107	3	3	29662	37977	126219	100668	132851	108518	121582	99475	76063	75718	122538	112654
AT4G14960.2;AT4G14960.1	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	3.85E-01	1.12	2776	45	1	227854	203884	154421	245834	166667	243802	153688	246375	150112	264925	138914	160105
AT3G12080.1	emb2738 - GTP-binding family protein	3.86E-01	1.39	380	6	6	895349	753652	264585	293948	269866	330391	298186	377481	354327	504967	202659	283333
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	3.86E-01	1.12	958	16	15	797251	688298	1447377	1782935	1422972	1629524	1432562	1666372	1229361	1080397	1556167	1766748
AT2G46850.1	Protein kinase superfamily protein	3.86E-01	1.44	27	1	1	11520	11855	30663	60017	36419	23783	30856	5983	18765	13797	19250	32294
AT3G25760.1	AOC1, ERD12 - allene oxide cyclase 1	3.86E-01	1.32	133	3	1	14816	20642	57683	30542	43894	31448	18315	15994	27897	28229	31115	29452
AT1G80930.1	MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	3.86E-01	14.76	44	1	1	28071	32979	324	0	558	119	207	283	2647	1066	0	0
AT5G50850.1	MAB1 - Transketolase family protein	3.87E-01	1.17	171	4	4	209068	196998	625797	457534	467732	374325	697401	562767	300636	383723	399052	392908
AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	3.87E-01	1.26	133	2	1	32424	35901	72674	90561	87116	54467	73962	15360	55345	32391	70418	49122

AT1G70600.1;AT1G23290.1	Ribosomal protein L18e/L15 superfamily protein	3.87E-01	1.23	156	5	5	1384370	1314203	805309	682159	581919	581191	678991	684906	705435	714169	899272	650230
AT2G07240.1	cysteine-type peptidases;cysteine-type peptidases	3.87E-01	1.29	30	1	1	131968	141977	28007	79937	74981	111453	62213	14664	168746	88158	61015	45715
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.88E-01	1.22	255	6	6	273994	273888	101338	152069	157679	169540	125727	107299	248899	218679	113169	114536
AT4G00860.1	ATOZI1, ATOZI1 - Protein of unknown function (DUF1138)	3.89E-01	1.11	51	1	1	17074	16319	18565	29832	14135	26255	22359	17979	29359	23168	24511	18286
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	3.90E-01	1.13	1433	25	25	740129	850084	2512818	1904463	2212403	2086501	2138498	2226401	1382875	1675053	2316817	1886740
AT3G09150.2	HY2, GUN3 - phytochromobilin:ferredoxin oxidoreductase, chloroplast / phytochromobilin synthase (HY2)	3.90E-01	1.57	23	1	1	1553	3917	10068	13737	11501	6493	4068	922	8088	5891	4097	7011
AT1G14710.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	3.91E-01	1.33	48	1	1	965	1293	1969	3882	1515	3182	1068	876	2054	756	2295	2600
AT2G20280.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	3.92E-01	1.50	37	1	1	9128	8866	4135	3577	4231	377	2587	3245	8311	6977	20142	4089
AT2G36580.1	Pyruvate kinase family protein	3.92E-01	1.20	142	2	1	7828	8489	5050	16814	13639	15220	16186	16740	9784	7039	13435	16956
AT1G05805.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	3.92E-01	1.41	84	1	1	4814	2380	4122	270	1000	4275	5278	5134	7111	2863	798	2532
AT5G54710.1	Ankyrin repeat family protein	3.92E-01	1.78	21	1	1	15855	14874	4646	2787	4781	6343	31173	30584	8451	2764	6354	8495
AT1G30580.1	GTP binding	3.92E-01	1.10	89	3	2	11672	17290	21864	39887	40936	36093	35049	33022	29670	26638	34266	26512
AT5G02050.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	3.93E-01	1.46	210	6	6	766917	777594	224155	145813	297524	345922	182553	219518	501380	459139	228041	155929
AT5G59260.1	Concanavalin A-like lectin protein kinase family protein	3.93E-01	1.03	20	1	1	1181	1433	25923	21974	24289	13191	12992	20698	7073	14119	22263	13889
AT4G28860.1;AT4G28880.1	ck14 - casein kinase I-like 4	3.94E-01	1.06	98	3	3	12409	14532	111908	95201	75390	30298	72776	60735	40083	55016	85802	47249
AT1G79640.1;AT1G79640.2	Protein kinase superfamily protein	3.95E-01	7.96	22	1	1	7718	7887	1775	860	1830	0	277	201	1272	586	0	187
AT3G15880.1	WSIP2, TPR4 - WUS-interacting protein 2	3.95E-01	1.13	638	16	6	157922	112283	176463	211206	187703	283068	249837	144372	206183	177242	257406	237348
AT4G04340.1	ERD (early-responsive to dehydration stress) family protein	3.95E-01	1.35	53	2	1	10400	15804	2608	4251	6691	4227	1910	2622	11015	10630	2747	3617
AT2G34590.1	Transketolase family protein	3.96E-01	1.19	865	14	3	405341	355637	728839	714161	575002	354493	443328	410864	327538	493175	552474	410755
AT1G53840.1	ATPME1, PME1 - pectin methylesterase 1	3.96E-01	1.90	58	1	1	25917	24484	1767	6919	6013	9166	7386	7274	9923	2536	9275	2664
AT1G64090.1	RTNLB3 - Reticulan like protein B3	3.97E-01	1.30	105	1	1	512981	453421	308812	122986	169457	188367	108789	93750	260327	188335	528689	169133
AT2G45740.1;AT1G01820.1	PEX11D - peroxin 11D	3.98E-01	1.54	65	2	2	3680	4196	14197	18024	17885	9573	9528	8429	5596	5741	8682	5942
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	3.98E-01	1.35	168	4	2	536114	498429	240367	151142	164890	216692	155700	128113	368882	305572	232652	147973
AT5G08400.1	Protein of unknown function (DUF3531)	3.99E-01	1.27	25	1	1	11552	9716	10685	27910	9901	11849	0	30582	2779	12642	42291	15321
AT1G80600.1	WIN1 - HOPW1-1-interacting 1	4.00E-01	1.08	21	1	1	7837	16284	63394	27610	47744	15631	31803	47027	24137	34225	28911	26765
AT5G56040.1	Leucine-rich receptor-like protein kinase family protein	4.00E-01	1.18	23	1	1	3292	2378	22074	8820	26363	13545	28607	16551	11178	6862	17428	9447
AT2G25670.1	unknown protein	4.01E-01	1.85	199	4	4	490431	427781	85552	54521	84610	93115	53786	52139	205042	201672	89602	65753
AT1G20020.1	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	4.01E-01	1.24	489	9	1	20699	29425	36860	27068	22910	11396	20465	15460	36721	49588	31725	30146
AT3G27830.1	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	4.02E-01	1.08	377	7	6	445383	344254	176013	266961	132929	132352	268948	281502	243190	285907	256332	282459
AT3G23540.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.02E-01	1.15	26	1	1	586	0	9490	3459	2993	8771	10470	6973	2398	756	1112	7369
AT3G10595.1	Duplicated homeodomain-like superfamily protein	4.03E-01	1.03	20	1	1	51	14	856	446	3231	365	882	434	254	2493	273	480
AT4G02450.2;AT4G02450.1	HSP20-like chaperones superfamily protein	4.03E-01	1.97	266	3	3	293578	242024	46122	29664	44273	33471	48952	27430	95768	129863	26296	21955
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.04E-01	1.17	1381	19	19	15645363	14997544	9267227	6940973	9403614	9331128	10379195	8301792	11064180	12800620	6399423	6936227
AT1G69800.1;AT1G69800.2	Cystathionine beta-synthase (CBS) protein	4.04E-01	1.14	352	6	6	109011	91907	241610	234298	263345	265675	281513	296654	204431	156751	200679	231460
AT5G56350.1	Pyruvate kinase family protein	4.04E-01	1.98	55	2	1	3228	917	20433	14911	11893	4667	836	6706	3631	3548	2950	10654
AT3G56090.1	ATFER3, FER3 - ferritin 3	4.05E-01	1.30	75	2	1	6288	3876	24686	9177	10270	14224	13688	9804	8576	10327	58	10353
AT5G60600.1;AT5G60600.3	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	4.05E-01	1.10	72	2	2	3034	6410	2090	24112	10641	13663	6931	15079	9311	6365	12340	15970
AT1G76890.2	GT2, AT-GT2 - Duplicated homeodomain-like superfamily protein	4.05E-01	1.58	347	7	5	189062	184066	38507	46035	49323	42544	45376	42444	84739	111720	28231	35520
AT2G40840.1	DPE2 - disproportionating enzyme 2	4.05E-01	1.11	384	7	7	60969	64958	160997	160476	217789	221402	157283	138429	141793	149987	197714	194524
AT2G46910.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	4.05E-01	1.19	195	3	3	32393	46733	34092	38758	65333	50694	68725	53054	47455	26268	70916	56607
AT1G19870.1	iqd32 - IQ-domain 32	4.06E-01	2.73	536	10	10	859868	743647	48923	86550	68798	106547	65891	74865	204158	215625	77366	63183
AT3G02730.1	TRXF1, ATF1 - thioredoxin F-type 1	4.06E-01	1.24	58	3	1	4490	4016	4006	2385	3812	331	3982	4067	3701	4084	1497	6314
AT1G29150.1	ATS9, RPN6 - non-ATPase subunit 9	4.06E-01	1.17	1019	18	17	528027	507502	926094	851673	1071130	979159	763464	784010	590837	623177	712423	680790
AT1G07080.1	Thioredoxin superfamily protein	4.06E-01	1.11	54	1	1	3719	1820	4351	5030	10830	7928	6900	7336	6878	3915	6791	5637
AT1G02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.07E-01	1.13	489	8	7	47613	46844	235134	188759	211435	193894	222628	207601	130173	131550	212481	134815
AT1G59830.1;AT1G59830.2;AT2G42500.3	PP2A-1 - protein phosphatase 2A-2	4.07E-01	1.15	415	8	2	24051	44812	45414	22551	51492	42794	57074	35464	29348	45380	56599	40830
AT4G13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	4.09E-01	4.27	42	2	2	77878	76035	0	0	1774	2718	1063	2077	15374	15640	999	1939
AT1G30360.1	ERD4 - Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)	4.10E-01	1.14	128	2	2	22201	19937	78289	66594	46095	70073	70813	81631	38851	51770	52388	49156
AT1G76810.1;AT1G76720.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	4.10E-01	1.61	456	9	8	934393	920490	214958	241171	217626	243494	331930	211210	270131	357472	356135	191874
AT3G17900.1	unknown protein	4.10E-01	1.11	224	5	5	82590	80849	144046	183943	216192	177322	130040	166675	152759	176577	206590	146017
AT3G55110.1	ABC-2 type transporter family protein	4.10E-01	1.63	30	1	1	1859	552	14816	4881	13028	13742	30540	15108	8980	3871	1609	19722
AT3G23670.1	PAKRP1L, KINESIN-12B - phragmoplast-associated kinesin-related protein, putative	4.10E-01	1.16	21	1	1	6212	6687	4635	7358	9931	11882	10633	1432	10555	3366	6169	8270
AT2G30170.1;AT2G30170.2	Protein phosphatase 2C family protein	4.10E-01	1.07	669	11	11	751835	654414	1326394	793443	761359	702251	1005270	955413	825046	825704	868397	851930
AT4G35470.1	PIRL4 - plant intracellular ras group-related LRR 4	4.11E-01	1.37	61	2	2	27116	21337	5892	11319	9343	11264	8403	8970	17024	9207	11236	8268
AT3G19360.1	Zinc finger (CCCH-type) family protein	4.11E-01	1.17	23	1	1	50991	44538	92499	48358	62944	120312	51457	38147	44137	40135	145790	38412
AT1G71710.1	DNAse I-like superfamily protein	4.12E-01	1.17	60	1	1	132571	96889	62767	55395	88159	106464	63934	53307	133011	99228	65414	49328
AT1G33120.1	Ribosomal protein L6 family	4.12E-01	1.15	214	4	4	264796	227738	334826	269419	215651	137970	306016	204957	164320	202920	172385	206016
AT5G42790.1;AT1G47250.1	PAF1, ATPSM30, ARS5 - proteasome alpha subunit F1	4.12E-01	1.19	293	5	5	1026945	1073325	770854	668815	415878	659828	472041	598475	681237	681531	746741	710115
AT1G67700.2;AT1G67700.1	unknown protein	4.13E-01	1.10	317	5	5	90507	111174	468532	364491	386517	336187	346138	354098	273579	243121	422273	302174
AT1G77310.1	unknown protein	4.14E-01	1.31	34	1	1	115	192	3055	2302	2282	2744	3501	2660	2688	1553	299	3261
AT3G57490.1;AT1G58380.1	Ribosomal protein S5 family protein	4.14E-01	22.18	90	3	1	7609	6155	0	0	0	0	0	0	620	0	0	0
AT5G35170.1;AT5G35170.2	adenylate kinase family protein	4.15E-01	1.12	806	17	17	411722	465152	1105713	1156127	945818	887576	1073573	952858	786294	652576	1131616	967431
AT2G40060.1	Clathrin light chain protein	4.15E-01	1.39	751	15	15	4476646	3413344	1741633	1003231	1271102	1662520	1503546	1163970	2235922	2391484	1304631	1166361
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	4.16E-01	1.63	577	10	10	520701	413644	113264	70518	120715	153844	72574	109223	237292	223576	116347	96485
AT4G15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	4.16E-01	1.27	368	7	7	98254	115839	276349	208949	276273	264620	153861	180702	148253	156869	197116	138219
AT1G51660.1	ATMKK4, MKK4, ATMEK4 - mitogen-activated protein kinase kinase 4	4.16E-01	1.47	36	1	1	6800	5250	13740	5273	5801	1647	6342	4069	5060	3223	2100	5368
AT5G37510.1	EMB1467, CI76 - NADH-ubiquinone dehydrogenase, mitochondrial, putative	4.16E-01	1.12	485	8	7	156858	123313	311565	293704	285990	227218	313330	266108	227179	177661	309857	273313
AT5G49220.1	Protein of unknown function (DUF789)	4.18E-01	1.13	47	2	1	2248	1389	7107	4235	2720	524	4187	4934	1275	1086	0	4628
AT4G11380.1	Adaptin family protein	4.18E-01	1.11	531	14	5	185397	165953	526559	665731	587366	510722	603156	480922	358250	394450	591017	513596
AT4G21710.1	NRPB2, EMB1989, RPB2 - DNA-directed RNA polymerase family protein	4.19E-01	1.21	27	1	1	5431	6454	6630	4453	8598	13334	7864	8566	7066	6951	1161	5385
AT5G15870.1	glycosyl hydrolase family 81 protein	4.21E-01	7.86	72	1	1	17039	13024	3992	0	4559	9913	990	355	2317	1743	0	768
AT3G55610.1;AT3G55610.2	P5CS2 - delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2	4.21E-01	1.14	389	9	1	80851	67825	32932	118884	112624	113096	99808	121897	104469	127187	60305	88790
AT1G45201.1	ATTLL1, TLL1 - triacylglycerol lipase-like 1	4.21E-01	1.11	372	8	8	339533	299818	549046	449011	472908	383326	409967	461182	299338	352776	375566	349357
AT1G60780.1;AT1G10730.1	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	4.22E-01	1.09	438	9	9	184148	196065	1023845	647671	935419	656454	844898	713939	531427	545534	836082	516160
AT2G19480.1	NFA02, NFA2, NAP1;2 - nucleosome assembly protein 1;2	4.23E-01	1.64	764	10	8	4503321	4382423	707675	1180167	946803	1124121	890582	889077	2114277	2334367	882406	725794
AT1G22060.1	unknown protein	4.24E-01	1.33	43	1	1	7349	12697	26648	15334	32172	14103	19866	11159	12452	14424	7900	15507
AT5G02500.1;AT1G16030.1;AT5G02500.2	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - heat shock cognate protein 70-1	4.24E-01	1.11	2703	41	10	597383	441012	1084594	740269	792930	1013504	860765	883337	617376	789389	1165340	879238
AT4G16143.1	IMPA-2 - importin alpha isoform 2	4.24E-01	1.14	621	10	9	763986	791979	1469308	1986328	1546518	1726854	1875920	1216849	1402786	1079188	2180643	1695484
AT4G29420.1	F-box/RNI-like superfamily protein	4.24E-01	10.32	23	1	1	46034	33918	759	811	525	379	1527	617	296	2103	2047	1396
ATCG00065.1	RPS12A, RPS12 - ribosomal protein S12A	4.25E-01	1.24	48	1	1	1404	877	8871	3387	3876	8599	6055	5036	6416	5445	1319	9202
AT2G44650.1	CHL-CPN10, CPN10 - chloroplast chaperonin 10	4.25E-01	1.08	37	1	1	112563	139015	215460	145204	153540	120831	157028	199056	130227	144572	177709	151454
AT3G07300.1	NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	4.27E-01	1.10	87	2	2	32021	28134	18832	24678	25661	21191	19508	19704	34491	29685	17452	15851
AT5G61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	4.28E-01	1.10	384	7	7	888411	858881	2222173	1877916	2002963	1310961	1517129	1426996	1525107	1663188	2291424	1654806
AT2G30730.1;AT5G49760.1	Protein kinase superfamily protein	4.29E-01	1.09	27	1	1	1250	1738	3113	2870	8241	7921	3344	2873	4268	4987	7176	4680
AT5G35620.1	LSP1, EIF(ISO)4E, LSP, EIF4E2, eIFiso4E - Eukaryotic initiation factor 4E protein	4.29E-01	1.19	74	2	2	67288	69314	64428	92998	35164	33765	42934	98793	23304	43064	63113	33524
AT4G00330.1	CRCK2 - calmodulin-binding receptor-like cytoplasmic kinase 2	4.30E-01	1.24	45	2	1	2633	1683	16679	15717	12597	10056	19647	5314	9198	5458	17633	16216
AT1G77440.1	PBC2 - 20S proteasome beta subunit C2	4.31E-01	1.29	196	4	1	6406	2587	8822	9588	20240	20318	23958	14565	5944	5850	19926	17457
AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, putative	4.31E-01	1.20	362	7	7	450744	349496	831981	634387	842410	879888	405610	700049	554337	625964	428192	602915
AT4G32330.2	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	4.31E-01	3.51	115	2	1	6210	25576	0	2293	1743	1867	0	0	2713	5677	1007	1344
AT1G30230.2	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	4.32E-01	1.10	349	6	2	130124	123242	190807	70114	124626	101358	100667	150168	135597	164564	142301	119235
AT1G67930.1	Golgi transport complex protein-related	4.33E-01	1.05	22	1	1	3644	4889	4733	16747	28002	20350	17994	11918	11626	8030	18828	14014
AT3G13990.2;AT3G13990.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	4.33E-01	1.66	393	7	7	494539	509009	145572	84505	115159	114966	115272	131970	210247	228230	108368	90099
AT5G12370.1	SEC10 - exocyst complex component sec10	4.33E-01	1.22	71	2	2	1536	4083	20651	6620	15963	25653	18801	10523	8075	11939	35312	6397
AT2G26800.1	Aldolase superfamily protein	4.33E-01	1.15	27	1	1	1812	5507	8500	14959	12968	12909	11208	6416	13084	7754	10058	16482
AT3G01660.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.34E-01	1.10	288	6	6	142842	121946	240029	272909	256662	213518	271221	225161	216220	183371	196319	277076

AT5G67630.1;AT3G49830.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.34E-01	1.07	104	3	3	54462	50730	51468	66699	67239	73504	64028	48648	54248	66407	54642	51100
AT5G57450.1	XRCC3, ATXRCC3 - homolog of X-ray repair cross complementing 3 (XRCC3)	4.34E-01	1.41	20	1	1	2134	1464	177045	101616	73718	43088	134540	64201	9455	10330	184985	161059
AT5G15400.1	U-box domain-containing protein	4.34E-01	1.09	202	5	5	47898	41187	138631	146884	158968	177736	156855	154507	116232	105491	127319	114871
AT5G25130.1;AT1G13090.1;AT5G25140.1	CYP71B12 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 12	4.34E-01	1.56	51	1	1	16072	4952	45888	26476	34143	21450	20987	20942	15473	15760	11401	11071
AT5G40160.1	EMB139, EMB506 - Ankyrin repeat family protein	4.35E-01	1.60	68	2	2	207392	197665	26339	65257	64033	70046	48210	38567	108607	56973	83495	58384
AT4G09000.1;AT4G09000.2	GRF1, GF14 CHI - general regulatory factor 1	4.35E-01	1.07	1059	19	10	1756886	1376030	2796248	2290262	2448601	2566210	2563597	2611068	2136859	2135619	2363083	2363884
AT5G11560.1	catalytics	4.35E-01	1.03	28	1	1	3363	2652	10062	13479	17341	29567	10978	14322	17715	10575	15101	9726
AT5G10730.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.36E-01	1.07	46	1	1	2784	8180	21984	12810	10193	5912	7948	12917	9444	13583	10744	11741
AT5G48530.1	unknown protein	4.36E-01	1.08	24	1	1	131021	142707	232630	275081	186806	328248	265919	244388	212100	241384	209820	222050
AT3G61580.1	Fatty acid/sphingolipid desaturase	4.36E-01	1.19	26	1	1	26925	19662	66257	15490	37657	5712	40080	23697	58900	32359	12370	37600
AT3G24490.1	Alcohol dehydrogenase transcription factor Myb/SANT-like family protein	4.37E-01	1.13	21	1	1	7568	7746	25969	25359	19802	21678	16182	22085	13615	18335	23241	28203
AT1G54270.2;AT1G54270.1	EIF4A-2 - eif4a-2	4.38E-01	1.13	1184	21	1	10567	6744	28706	30955	38683	21229	25007	43220	21149	20481	27104	18106
AT2G44620.1	MTACP-1, MTACP1 - mitochondrial acyl carrier protein 1	4.39E-01	1.04	35	1	1	1445	985	62183	40875	41394	16649	49953	49884	5371	16577	24643	23741
AT3G09030.1	BTB/POZ domain-containing protein	4.40E-01	1.19	70	1	1	124	1644	25711	17586	19653	13775	9841	11333	11773	10903	7847	14167
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	4.40E-01	1.41	435	7	7	758091	890914	359120	232911	198019	239623	204353	216030	458711	597317	247532	182343
AT1G19670.1	ATCLH1, COR1, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	4.40E-01	1.09	510	7	7	1669010	2422639	2265921	2964794	1980116	2161939	1978056	2083576	2094875	1760074	2179009	2303328
AT4G33220.1	PME44, ATPME44 - pectin methylesterase 44	4.40E-01	1.19	22	1	1	921	482	12003	3928	8581	2759	900	9479	4394	5394	7489	6373
AT5G59610.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	4.41E-01	1.17	46	1	1	100558	101506	44004	38208	39877	39475	66677	37802	122964	65315	74483	59391
AT4G15545.1	unknown protein	4.41E-01	1.25	1164	23	23	8362613	7843372	3395618	3338288	3308329	4017349	3671315	2980975	5986447	5248847	3268505	3115021
AT5G13530.1	KEG - protein kinases;ubiquitin-protein ligases	4.41E-01	1.18	22	1	1	14553	10287	22748	12125	4461	34151	21801	29113	5834	15922	285	10160
ATCG00810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	4.41E-01	1.09	297	6	5	161209	141202	270732	215182	289562	338827	303277	246964	258504	194603	253430	286117
AT3G08580.1;AT4G28390.1;AT5G13490.1	AAC1 - ADP/ATP carrier 1	4.41E-01	1.10	974	15	15	894895	893467	1455617	1427787	1400048	1120827	1174294	1220583	956906	1023827	1129783	1006106
AT3G06930.1	ATPRMT4B, PRMT4B - protein arginine methyltransferase 4B	4.42E-01	1.08	613	12	9	109926	119319	212540	328885	313295	324095	309065	257446	221983	218875	247067	272236
AT1G08680.1;AT1G08680.3	ZIGA4, AGD14 - ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	4.42E-01	1.43	694	11	11	1844976	1686767	591154	489753	517989	616809	592675	617751	833360	866611	571370	543618
AT5G49840.1	ATP-dependent Clp protease	4.43E-01	1.51	125	2	2	241207	217452	79288	60190	82276	46392	77386	72366	105670	99472	74223	52933
AT1G08370.1	DCP1, ATDCP1 - decapping 1	4.44E-01	1.13	61	2	2	37079	26718	58660	57833	68502	106806	71366	89686	70815	68540	36991	64804
AT2G27610.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.44E-01	1.08	25	1	1	36664	47507	32901	42895	34062	46041	31270	34255	24766	50980	42132	38010
AT5G12250.1	TUB6 - beta-6 tubulin	4.45E-01	1.19	2523	45	6	1057774	1197855	2216914	2180345	2576354	2042445	1358150	1883532	1661379	1585080	1579026	1433058
AT5G66580.1	unknown protein	4.45E-01	1.17	28	1	1	115892	120000	92665	47763	100091	72900	91430	54681	87149	77919	97142	60275
AT2G35840.1;AT1G51420.1	Sucrose-6F-phosphate phosphohydrolase family protein	4.46E-01	1.08	105	3	3	63895	56652	70089	51944	73449	89691	86247	66922	73112	66977	84835	58488
AT5G23580.1;AT4G09570.1	CDPK9, ATCDPK9, CPK12, ATCPK12 - calmodulin-like domain protein kinase 9	4.46E-01	1.94	31	1	1	50008	66367	102294	71841	54460	50603	237285	147960	21697	29990	228838	102038
AT1G24510.2;AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	4.46E-01	1.13	255	8	6	11197	17607	91426	95186	60968	49237	65204	90081	35485	32282	63183	82226
AT3G01180.1	AtSS2, SS2 - starch synthase 2	4.47E-01	1.08	203	5	4	71008	84272	259325	252515	242067	167732	190815	228673	179427	187636	216935	158533
AT1G60800.1	NIK3 - NSP-interacting kinase 3	4.47E-01	1.53	22	1	1	15161	3412	529	581	434	1672	4605	0	4204	4222	171	1006
AT2G16530.1	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein	4.48E-01	1.62	32	1	1	12128	12843	1329	3134	7374	7130	6611	4134	7756	3229	2932	2517
AT2G40590.1	Ribosomal protein S26e family protein	4.48E-01	1.18	62	2	2	220973	170097	113137	100843	89534	148729	123792	119151	130874	148667	59491	133038
AT5G15650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	4.48E-01	1.21	335	9	4	110751	117093	133417	245131	256923	218359	165631	158425	158697	94508	156895	163398
AT1G22300.1;AT1G22300.3	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - general regulatory factor 10	4.49E-01	1.10	571	11	9	395853	354246	361987	251592	531374	762928	422079	397926	512635	464804	711579	423041
AT1G08100.1	ATNRT2.2, ACH2, NRT2;2AT, NRT2.2 - nitrate transporter 2.2	4.50E-01	1.45	25	1	1	84835	72203	70610	16369	23642	11587	26227	32995	62604	37056	1290	31822
AT4G24810.1	MA3 domain-containing protein	4.51E-01	1.51	65	2	2	6789	2031	11370	16600	13947	14493	5697	45944	7176	15040	12720	11613
AT2G16950.1;AT2G16950.2	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	4.51E-01	1.28	603	13	12	226884	175400	622770	438582	490145	355937	347004	296212	244418	295343	319754	308156
AT5G65460.1	KCA2, KAC2 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 2	4.51E-01	1.13	307	7	1	2622	5610	9184	5635	5909	8893	5063	10730	6910	8887	0	11084
AT3G56120.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	4.51E-01	1.11	28	1	1	358809	194136	1204501	590177	829318	1138291	988941	782020	611050	485195	1052736	851960
AT5G42870.1	ATPAH2, PAH2 - phosphatidic acid phosphohydrolase 2	4.51E-01	1.18	98	3	3	58324	62519	30269	90151	37239	47049	46911	33608	31316	46506	87925	29159
AT1G76400.1	Ribophorin I	4.52E-01	1.18	28	1	1	991	1437	1821	5225	1813	5926	4779	1533	4458	1729	5044	2846
AT1G05190.1	emb2394 - Ribosomal protein L6 family	4.52E-01	1.10	98	4	4	54569	41862	128241	85496	61507	44714	79294	47950	75134	78737	91981	83890
AT4G20090.1	EMB1025 - Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	4.52E-01	1.06	51	2	1	616872	492889	431042	254659	302988	180462	376041	167376	869939	464470	21802	244425
AT4G19190.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	4.53E-01	9.15	22	1	1	2687	1928	0	0	0	0	0	0	0	504	0	0
AT1G16190.1	RAD23A - Rad23 UV excision repair protein family	4.53E-01	1.10	139	3	1	218773	221110	138166	124480	114430	102956	57514	54182	211893	293452	100065	118905
AT3G56190.1;AT3G56190.2	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	4.53E-01	1.09	182	3	3	56375	48313	102388	112054	80904	112818	108173	94886	80409	78659	81370	116493
AT2G23460.1	XLG1, ATXLG1 - extra-large G-protein 1	4.54E-01	1.09	48	1	1	562071	848461	595644	919716	839463	845493	825681	706867	932906	626852	939348	978997
AT2G32980.1	unknown protein; Has 158 Blast hits to 154 proteins in 73 species: Archae - 0; Bacteria - 61; Metazoa - 0; Fungi -	4.54E-01	1.41	214	3	3	77396	82706	38086	12024	34959	39668	32440	18601	58602	49847	18122	24889
AT1G58110.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	4.54E-01	3.48	55	1	1	17191	9249	434	1446	282	366	911	901	2731	2976	11	789
AT2G45140.1;AT3G60600.1	PVA12 - plant VAP homolog 12	4.55E-01	2.63	92	2	2	17884	18905	25886	11430	10291	1244	14740	9248	11579	7205	169144	13712
AT4G29220.1	PFK1 - phosphofructokinase 1	4.55E-01	1.66	65	2	1	1603	380	5602	17482	9557	11593	997	17861	4947	5042	25472	22380
AT3G54610.1	HAT1, GCN5, HAG1, HAC3, HAG01, BGT - histone acetyltransferase of the GNAT family 1	4.55E-01	1.45	74	2	2	15154	10518	10900	5011	9661	1838	5113	4080	11209	7405	2316	6453
AT2G29550.1	TUB7 - tubulin beta-7 chain	4.56E-01	1.10	3415	54	2	253498	203763	387020	394500	322672	544728	430738	370172	424230	357207	474956	262082
AT3G16800.3	Protein phosphatase 2C family protein	4.58E-01	1.85	24	1	1	4731	6205	25803	25075	54866	41157	18936	9915	23942	12523	11988	8162
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	4.59E-01	2.15	208	5	5	154753	128344	19078	10264	14604	54288	18865	12541	44977	34791	53675	12840
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	4.59E-01	1.07	431	11	11	157218	138446	462321	382853	462124	425727	403918	399607	298294	360223	381019	337646
AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protein	4.61E-01	1.07	111	2	1	1963	632	4104	2934	940	475	2335	4961	498	986	0	3013
AT3G05530.1;AT1G09100.1	RPT5A, ATS6A.2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	4.61E-01	1.12	916	16	15	627379	541197	1276555	1018624	1097718	888304	1118454	941971	869012	690449	1462590	1022436
AT4G01370.1;AT1G01560.1;AT1G01560.2;AT2G	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	4.61E-01	1.08	432	9	9	199601	299803	1074794	894800	884222	683912	775320	873676	563975	589652	870877	673525
AT5G14320.1;AT5G14320.2	Ribosomal protein S13/S18 family	4.63E-01	1.12	421	9	9	221647	209163	379943	242411	210194	226798	212737	242842	225502	265867	424467	290774
AT1G10670.1	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	4.63E-01	1.35	303	6	2	21556	16973	66388	53151	59592	31430	22631	30203	27214	37931	35406	31559
AT4G37050.1	PLP4, PLA-V, AtPLAIVC - PATATIN-like protein 4	4.64E-01	4.22	28	1	1	11629	16268	0	5156	680	0	0	0	390	2770	4826	0
AT1G53330.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	4.64E-01	2.01	30	1	1	1112	1628	19889	8618	5308	11151	33830	21028	1800	1190	18228	19876
AT2G47840.1	Uncharacterised conserved protein ycf60	4.64E-01	1.43	25	1	1	6248	4041	20592	12212	21661	18266	10535	3958	11021	8704	13735	9943
AT1G15750.1	WSIP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	4.65E-01	1.08	946	24	4	78530	52248	154852	77975	137316	147624	117845	127648	101837	106421	142640	102520
AT1G27450.3;AT1G27450.1;AT1G80050.1	APT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	4.65E-01	1.18	102	2	1	1210	771	7994	6031	3989	4285	3888	1678	4820	3495	8450	6211
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	4.65E-01	1.10	580	11	11	299259	298730	469654	617819	642265	492844	556420	544662	423498	375861	657168	539508
AT1G50620.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	4.66E-01	1.66	60	1	1	38910	27678	4452	2807	6652	20005	9059	3079	17590	24325	4022	2649
AT4G27520.1	ENODL2, AtENODL2 - early nodulin-like protein 2	4.66E-01	1.03	41	1	1	17830	16715	1847	9819	8237	4475	8747	9488	10708	13653	8991	9301
AT2G20260.1;AT4G28750.1	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	4.66E-01	1.11	90	2	2	66476	62141	69430	50157	39494	63417	56873	60295	61170	67048	10090	60977
AT5G41210.1	ATGSTT1, GST10, GSTT1 - glutathione S-transferase THETA 1	4.66E-01	1.51	61	1	1	386	2473	19939	15862	11565	8317	0	10383	9095	8633	5741	5045
AT5G43010.1	RPT4A - regulatory particle triple-A ATPase 4A	4.67E-01	1.24	1003	20	1	25930	24065	118940	134863	123933	110819	149787	34802	113506	67667	156835	143673
AT2G27730.1	copper ion binding	4.67E-01	2.07	56	1	1	306	530	12304	8139	8598	2235	12085	10627	11695	6869	120	25216
AT1G63690.1	ATSPPL2, SPPL2 - SIGNAL PEPTIDE PEPTIDASE-LIKE 2	4.69E-01	1.23	21	1	1	412375	394464	288498	181710	256854	195819	612951	396998	186447	291089	421789	217255
AT1G73660.1;AT1G18160.1	protein tyrosine kinase family protein	4.70E-01	1.19	155	3	3	248323	235096	111717	106492	123468	165403	106381	130185	178319	144292	164066	110280
AT1G01100.1;AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein family	4.70E-01	1.07	643	11	5	5647325	6082224	6164022	5538069	4436354	4923249	3921258	3363091	7097792	7000600	5167892	4050795
AT2G23390.1	unknown protein	4.70E-01	1.18	31	1	1	0	1121	3025	3024	4871	3016	1452	2725	1300	1323	3873	2038
AT3G61760.1	ADL1B, DL1B - DYNAMIN-like 1B	4.70E-01	1.17	23	1	1	86510	62588	56961	33701	43012	33081	74124	46461	87176	39969	39187	83748
AT3G22630.1;AT4G14800.1	PBD1, PRCGB - 20S proteasome beta subunit D1	4.71E-01	1.10	101	3	2	40224	35399	52377	49333	56988	32279	44588	53112	27033	43993	39020	33578
AT2G33340.1;AT2G33340.3	MAC3B - MOS4-associated complex 3B	4.71E-01	1.06	88	2	1	12699	9541	48657	33579	35538	11131	18592	38234	23336	32446	25883	22314
AT4G39110.1	Malectin/receptor-like protein kinase family protein	4.72E-01	1.46	21	1	1	7357	5522	25109	16514	19791	1208	23116	16524	19433	10111	2168	38966
AT2G38010.2;AT2G38010.1	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase	4.73E-01	1.06	260	5	5	128649	163237	219214	202597	170330	147009	154936	185884	166088	194413	219287	175274
AT4G15310.1	CYP702A3 - cytochrome P450, family 702, subfamily A, polypeptide 3	4.73E-01	1.06	26	1	1	8756	8261	74455	79480	86638	60165	47983	38065	34605	42286	98288	76220
AT1G78650.1	POLD3 - DNA-directed DNA polymerases	4.74E-01	2.80	22	1	1	19288	13316	815	732	1148	1121	675	602	4624	2887	3915	306
AT1G15280.2;AT1G15280.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII binding	4.74E-01	1.38	83	2	2	28795	29062	14273	6958	8642	9888	10055	7089	18754	15105	8167	11670
AT2G21230.3;AT2G21230.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	4.76E-01	1.76	133	3	2	72047	66039	9784	14244	13627	10654	6773	22452	17512	31637	19559	7915
AT5G62190.1	PRH75 - DEAD box RNA helicase (PRH75)	4.76E-01	1.81	68	1	1	62293	51086	11433	4574	9121	8855	6730	5465	29164	26168	9418	4635
AT1G73060.1	LPA3 - Low PSII Accumulation 3	4.76E-01	1.11	1244	17	16	1502176	1639377	2676542	3583649	3620916	3777289	3718578	2748620	3189721	1918922	3943353	3183097
AT5G24520.1	TTG1, TTG, URM23, ATTTG1 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	4.77E-01	1.09	146	2	2	14953	17486	65389	72024	62259	61247	35249	60411	39882	55296	70175	57343
AT1G20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	4.77E-01	1.25	76	1	1	545454	546834	284065	183441	300797	203733	349453	233167	306152	381346	197057	184647
AT3G19600.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	4.78E-01	1.42	23	1	1	6814	7407	12726	10883	12783	8309	19431	27229	9075	4085	13649	10117

AT5G38880.1	unknown protein; Has 474 Blast hits to 433 proteins in 138 species: Archae - 6; Bacteria - 80; Metazoa - 195; Fu	4.80E-01	1.18	32	1	1	14008	9457	8587	6902	5910	15747	7849	9631	4842	7781	14394	6888
AT3G54170.1	ATFIP37, FIP37 - FKBP12 interacting protein 37	4.80E-01	4.59	158	2	2	75480	56751	36920	20471	27612	35749	35828	24703	42088	46072	985203	26646
AT2G25080.1	ATGPX1, GPX1 - glutathione peroxidase 1	4.82E-01	1.14	95	3	3	44486	51252	85554	89709	87418	59871	51042	48387	66098	48562	94570	59742
AT5G40650.1;AT3G27380.1	SDH2-2 - succinate dehydrogenase 2-2	4.85E-01	1.08	26	1	1	6466	4572	8946	7690	11541	8204	10638	6500	9535	9113	7719	7869
AT4G18040.1	EIF4E, CUM1, AT.EIF4E1, eIF4E1 - eukaryotic translation initiation factor 4E	4.85E-01	1.20	75	1	1	17892	9952	30938	19379	21283	30244	15936	19740	14116	15940	18914	22984
AT5G28020.1	CYSD2, ATCYSD2 - cysteine synthase D2	4.87E-01	1.44	40	1	1	5449	10973	10488	12236	7567	4155	6077	19245	10650	6984	4501	25697
AT1G33040.1	NACA5 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 5	4.87E-01	4.50	31	1	1	7484	11748	0	0	289	0	1592	493	994	1047	0	214
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	4.88E-01	1.13	71	2	2	10666	11981	18676	5914	12321	3647	9969	8068	21726	10184	10874	10852
ATMG00160.1	COX2 - cytochrome oxidase 2	4.89E-01	1.37	62	1	1	6712	4935	15307	16136	27047	10751	14135	12388	12164	6717	7530	6248
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	4.89E-01	1.43	137	3	3	52947	50533	12840	11281	18301	28161	12315	13047	29383	22774	24800	19790
AT5G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	4.91E-01	1.48	205	5	5	17580	15048	69335	48809	79881	64082	37524	30872	36919	24328	39284	29967
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	4.92E-01	1.05	306	4	4	156167	162094	191757	169738	155456	148813	192427	130111	180911	150717	143276	143335
AT5G51550.1	EXL3 - EXORDIUM like 3	4.93E-01	1.09	27	1	1	22657	10668	34645	25203	35793	20596	23337	22708	38874	26266	28824	23307
AT3G12260.1	LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	4.93E-01	1.34	80	2	2	0	256	6890	6634	7137	1270	188	5870	3043	1809	2784	2896
AT4G04320.1;AT4G04320.2	malonyl-CoA decarboxylase family protein	4.93E-01	1.13	74	2	2	28767	22086	49768	39048	29591	63060	50569	59074	27212	30162	43941	50927
AT4G16390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	4.93E-01	1.11	303	5	5	75353	82388	131637	143643	146514	209757	148580	131290	183842	129240	187325	93357
AT1G24360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	4.94E-01	1.10	22	1	1	849	1725	24221	35391	21732	16537	13262	27081	7924	13937	18784	10277
AT5G17020.1;AT3G03110.1	XPO1A, ATCRM1, ATXPO1, XPO1, HIT2 - exportin 1A	4.94E-01	1.33	309	6	6	71633	66773	129638	175109	258416	224637	104829	96285	167045	98333	131017	99630
AT5G18380.2;AT3G04230.1;AT5G18380.1;AT5G1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	4.95E-01	1.05	155	4	2	10139	27156	55091	47985	42992	16200	33653	28574	31389	41949	42844	31102
AT4G28300.1	Protein of unknown function (DUF1421)	4.96E-01	1.47	133	4	4	22799	24431	2200	2029	2357	6934	4588	8582	8363	5773	56788	5029
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation factor 3A	4.97E-01	1.07	369	8	7	70959	77856	194501	170890	204243	126903	126640	189794	126799	140991	163881	157229
AT5G45010.1	ATDSS1(V), DSS1(V) - DSS1 homolog on chromosome V	4.97E-01	3.39	174	3	3	953145	1052070	24136	59272	48859	85445	38190	48860	247613	219225	46641	55656
AT1G72370.1;AT3G04770.1	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	4.97E-01	1.10	1578	23	22	5852344	5746839	9102929	7911529	7617245	6596070	9756807	8407567	5760996	6561064	10193724	6454854
AT5G46630.1;AT5G46630.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	4.98E-01	1.37	111	3	3	8475	7329	21155	19180	23521	36167	18497	14032	11696	9989	14676	15520
AT3G55070.1	LisH/CRA/RING-U-box domains-containing protein	4.98E-01	1.64	23	1	1	276	279	5469	2533	1861	4833	3542	2183	407	925	35	2230
AT2G44200.1	CBF1-interacting co-repressor CIR, N-terminal;Pre-mRNA splicing factor	4.99E-01	1.60	120	3	3	59281	58205	13186	11195	12269	14487	15051	9649	17505	13574	31077	18470
AT4G22700.1	LBD32 - LOB domain-containing protein 32	5.00E-01	1.14	21	1	1	5568	2214	4536	5452	5459	10857	7377	5383	9760	6366	6594	3261
AT2G21270.1	UFD1 - ubiquitin fusion degradation 1	5.00E-01	1.13	114	2	2	12653	13927	34333	52989	25821	25034	31160	43937	25435	14799	31478	40057
AT1G18620.1;AT1G18620.2	unknown protein	5.00E-01	42.19	20	1	1	1656	1284	623	478	586	3750	796	1148	908	499	349157	844
AT5G13970.1	unknown protein	5.01E-01	1.10	322	6	6	173584	170505	91604	96287	138057	152908	72008	56132	191414	206539	126270	99019
AT3G12970.1	unknown protein	5.01E-01	1.18	26	1	1	57964	50129	93830	70126	72082	29354	33930	59414	31788	59134	70243	62054
AT5G55310.1	TOP1BETA, TOP1 - DNA topoisomerase 1 beta	5.02E-01	1.37	23	1	1	9017	14057	124524	104704	81218	54632	138	55458	41463	54460	56292	76321
AT5G19350.1;AT5G19350.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.03E-01	1.19	232	4	3	101391	134517	225081	256902	275313	252621	346321	111947	237570	173722	333009	285968
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	5.03E-01	1.12	287	7	3	161951	153198	194129	130312	106316	92121	113626	86903	104725	142656	173480	128244
AT2G43330.1	ATINT1, INT1 - inositol transporter 1	5.05E-01	1.28	24	1	1	13820	16288	6091	27435	6549	8537	14863	8993	7816	5338	4770	19957
AT3G10350.1;AT3G10350.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.06E-01	1.09	183	4	4	80647	86435	306572	211513	214135	177867	190076	114852	194733	199801	235888	236430
AT1G28340.1	AtRLP4, RLP4 - receptor like protein 4	5.07E-01	1.06	73	1	1	146	100	2067	1496	4346	5764	529	1110	3260	2703	4278	1253
AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	5.08E-01	1.07	619	13	12	143020	140551	541230	456621	541078	442693	434360	552972	322519	294879	418118	395467
AT3G22190.1	IQD5 - IQ-domain 5	5.09E-01	1.18	74	1	1	41174	37261	24463	18751	14395	25140	27615	19917	28802	29701	12383	18052
AT5G11580.1	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	5.11E-01	1.10	415	9	9	221632	282304	698523	640545	689186	588014	575979	825928	383507	429688	639755	591911
AT3G10860.1;AT5G05370.1	Cytochrome b-c1 complex, subunit 8 protein	5.11E-01	1.05	81	2	2	29320	26913	100392	74661	100666	45525	73618	78697	51391	49332	69947	75254
AT4G24680.1	MOS1 - modifier of snc1	5.11E-01	1.71	178	4	4	577028	531162	65541	133737	97967	129621	87674	111750	200348	289745	96462	113154
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	5.12E-01	4.26	209	3	3	161401	147628	12460	3967	2994	9089	11449	3105	15507	22625	21822	4684
AT5G01590.1	unknown protein	5.13E-01	1.89	43	1	1	11411	4205	265	2192	1878	1178	410	1298	3943	3938	437	1178
AT4G23640.1	TRH1, ATKT3, KUP4 - Potassium transporter family protein	5.13E-01	1.06	21	1	1	101120	119922	64743	155474	294013	388368	234228	121169	249023	131032	210943	247223
AT5G03430.1	phosphoadenosine phosphosulfate (PAPS) reductase family protein	5.14E-01	1.12	20	1	1	3304	6497	17317	8062	10666	13800	8673	9504	14732	10796	16633	6356
AT4G03520.1;AT4G03520.2	ATHM2 - Thioredoxin superfamily protein	5.15E-01	1.42	155	2	2	80789	78588	108679	93886	81285	156270	150706	178436	140191	136912	27272	217222
AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein	5.15E-01	1.18	50	1	1	2786	6925	15430	10100	13812	11399	11143	815	11576	4168	10413	13130
AT3G57610.1	ADSS - adenylosuccinate synthase	5.15E-01	1.20	64	1	1	11079	11075	17693	27329	19098	10291	16108	12519	11386	14574	28024	32789
AT2G47960.1	unknown protein	5.17E-01	1.17	56	2	1	54401	82830	64392	25683	31376	45366	44657	33978	27279	28864	86462	37680
AT5G14250.1;AT5G14250.2	COP13, CSN3, FUS11 - Proteasome component (PCI) domain protein	5.18E-01	1.08	329	5	5	118157	136319	187759	284401	319572	266153	257957	229258	216539	161141	266289	282979
AT2G44350.1	ATCS, CSY4 - Citrate synthase family protein	5.19E-01	1.40	25	1	1	13771	10356	1676	5719	5213	2721	6992	9475	3775	1493	4140	2250
AT2G47610.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	5.19E-01	1.17	255	5	2	25186	32761	75552	25444	46589	25533	37573	22326	51621	32478	7171	46332
AT5G14260.1	Rubisco methyltransferase family protein	5.20E-01	1.03	149	3	3	25646	32237	123821	104443	103608	63645	84121	91754	74956	59123	74876	83878
AT5G54500.1;AT5G54500.2	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	5.22E-01	1.09	384	6	2	78627	61080	107073	95612	76038	100020	94994	43103	89515	68103	72417	109496
AT1G16920.1	RAB11, ATRABA1B, RABA1b - RAB GTPase homolog A1B	5.23E-01	1.00	172	4	1	1187	1247	4793	1772	3381	381	3497	2114	2864	1808	0	2506
AT3G11400.1;AT3G11400.2	EIF3G1, ATEIF3G1 - eukaryotic translation initiation factor 3G1	5.24E-01	1.18	68	1	1	4275	3216	12490	8470	10047	5270	7176	5087	8813	11284	14680	4483
AT1G03620.1	ELMO/CED-12 family protein	5.24E-01	1.15	31	1	1	3677529	4705465	15301664	7835446	9867874	2580231	16390908	10603072	4736686	7607294	6058980	5201644
AT3G05680.2;AT3G05680.1	EMB2016 - embryo defective 2016	5.25E-01	1.02	46	1	1	2001	1794	1740	1272	1787	2428	714	709	2089	1365	4886	1444
AT1G09640.1;AT1G09640.2	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	5.26E-01	1.11	257	5	3	56181	50014	158377	90479	136163	106446	186792	106788	92499	109087	84402	83719
AT4G35850.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	5.27E-01	1.08	117	2	2	5271	9336	79279	46847	77206	77134	38061	35442	43255	40412	64444	51254
AT1G11710.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	5.28E-01	1.11	30	1	1	250	236	3740	2329	2307	538	285	3638	2085	1699	1316	1439
AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	5.29E-01	1.15	115	3	2	38722	29481	30790	16646	24257	33173	33591	32654	44790	36539	15483	35959
AT1G14570.1	UBX domain-containing protein	5.29E-01	1.05	189	4	4	64595	59327	134389	127021	153112	148960	112073	116043	103880	127032	127679	137825
AT3G49720.1;AT5G65810.1	unknown protein	5.30E-01	1.08	87	3	2	9361	5010	61642	67571	65731	45804	51866	65805	18135	20951	65264	53620
AT3G59770.1;AT3G59770.3	SAC9 - sac1 homology domain-containing protein / WW domain-containing protein	5.30E-01	1.22	45	2	2	8253	4910	9070	11647	18687	15545	25862	15609	11754	5334	13742	10988
AT4G02480.1;AT1G02890.1	AAA-type ATPase family protein	5.31E-01	1.22	238	5	5	33567	34170	68940	99280	84071	63265	56174	42488	58332	36536	57921	63496
AT1G08970.1;AT1G54830.1	HAPSC, NF-YC9 - nuclear factor Y, subunit C9	5.32E-01	1.09	360	6	3	42032	51805	80323	50044	57276	60950	86558	61522	64156	63560	41885	55845
AT5G59750.1	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	5.33E-01	1.13	128	4	4	19450	24082	36944	26226	17343	26800	30975	36621	21699	24725	17268	38503
AT3G07110.1;AT3G24830.1	Ribosomal protein L13 family protein	5.33E-01	1.12	79	1	1	18286	13542	38905	13390	22776	16774	32213	20217	16460	14034	23859	31474
AT1G05520.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	5.34E-01	1.24	349	6	4	97602	70071	194221	178502	210800	248594	138565	173422	122844	78650	147211	148498
AT3G10610.1;AT2G04390.1;AT5G04800.1	Ribosomal S17 family protein	5.34E-01	1.17	131	2	1	30166	41464	22336	43140	14765	29487	19252	40499	30390	60707	36284	24641
AT1G08550.1	NPQ1, AVDE1 - non-photochemical quenching 1	5.35E-01	1.12	130	3	3	18730	19302	15498	22833	19634	29804	16748	17081	34735	29960	19630	23060
AT4G19610.1	nucleotide binding;nucleic acid binding;RNA binding	5.35E-01	1.59	21	1	1	268231	240371	31176	59771	54650	64821	92119	35263	112614	126592	42378	42199
AT5G54900.1	ATRBP45A, RBP45A - RNA-binding protein 45A	5.36E-01	1.10	341	6	6	191348	235594	287215	283696	274120	270622	248193	173461	307585	289139	343312	330863
AT3G24630.1	unknown protein; Has 5348 Blast hits to 3182 proteins in 353 species: Archae - 0; Bacteria - 481; Metazoa - 195	5.37E-01	5.05	24	1	1	37416	21611	17737	6641	13335	5389	11480	5230	26547	12597	448156	11472
AT5G19900.1	PRLI-interacting factor, putative	5.37E-01	2.99	208	4	4	156029	144465	7947	8140	11801	13854	7619	14863	31111	27269	24012	9518
AT3G49800.1	BSD domain-containing protein	5.38E-01	1.68	283	5	5	700430	658355	52404	200904	205901	262759	160102	200823	258096	351083	142707	126772
AT5G16050.1;AT3G02520.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	5.38E-01	1.07	680	11	5	116122	94670	319161	221055	242867	302373	257607	230636	305829	196177	159986	237817
AT4G21150.1;AT4G21150.2	HAP6 - ribophorin II (RPN2) family protein	5.39E-01	1.30	268	5	5	95348	77396	240590	244906	311754	219370	170648	181964	123598	150768	160101	127508
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	5.39E-01	1.19	773	12	11	1597705	1645078	657525	587035	1060661	993578	664084	572628	1157675	1112109	946019	1026798
AT1G34370.1	STOP1 - C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	5.40E-01	2.30	23	1	1	103166	76309	2478	22664	20741	14632	12424	16079	22047	33561	9295	10805
AT5G11880.1;AT3G14390.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein	5.40E-01	1.39	51	1	1	1261	2418	7613	2952	6739	6821	2902	3196	5670	3671	1276	3284
AT4G16340.1	SPK1 - guanyl-nucleotide exchange factors;GTPase binding;GTP binding	5.41E-01	1.02	64	1	1	5315	7407	5787	7036	7655	13152	10438	12106	6389	7912	367	8420
AT2G19790.1	SNARE-like superfamily protein	5.41E-01	1.34	144	3	3	22569	14261	74253	34755	58362	33063	32105	33270	21489	31091	32105	26464
AT1G24160.1	unknown protein	5.41E-01	1.21	97	2	2	13683	11044	12682	4216	9028	15479	11898	6634	9729	9689	10341	6421
AT5G22330.1	ATTIP49A, RIN1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.43E-01	1.08	180	4	4	23103	23839	60370	59123	54549	28504	51814	56959	40178	29796	36578	53775
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	5.43E-01	1.09	129	3	2	24976	26411	72523	77775	70298	81531	82456	81335	68655	35136	56742	62468
AT1G02475.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	5.44E-01	1.08	27	1	1	3615	6030	9976	14466	18067	18969	8875	15760	7692	17765	13731	12797
AT5G17070.1	unknown protein	5.44E-01	1.08	29	1	1	2318	2294	2977	2821	3235	515	3450	1811	2683	1985	2173	3211
AT1G75690.1	DnaJ/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	5.44E-01	1.12	73	2	2	171238	158226	250557	157628	198870	305491	237740	236036	274398	236402	117112	294135
AT5G58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	5.44E-01	1.06	884	14	9	552391	543532	486761	347565	411394	465301	461450	453828	479553	520977	634161	416743
AT4G01400.1	unknown protein	5.44E-01	1.01	46	2	1	7846	5394	16299	10805	30973	33380	18465	15326	17663	12345	20431	19700
AT1G68610.1	PCR11 - PLANT CADMIUM RESISTANCE 11	5.46E-01	5.88	27	1	1	4300	3985	2598	1173	1930	966	1741	1232	2911	1314	78707	2043
AT4G37440.1;AT4G37440.2	unknown protein	5.46E-01	1.63	117	3	3	81177	84895	11643	20157	17962	22087	22555	20036	28611	37862	21432	15677

AT4G01850.1;AT1G02500.1	SAM-2, MAT2, SAM2, AtSAM2 - S-adenosylmethionine synthetase 2	5.46E-01	1.11	338	6	3	179583	209438	330709	211018	324122	190823	244248	203046	262857	198163	223394	176112
AT5G66470.1	RNA binding;GTP binding	5.47E-01	1.89	21	1	1	59649	48485	2187	1763	2450	3906	2965	2505	2469	3032	50084	1708
AT1G50460.1	HKL1, ATHKL1 - hexokinase-like 1	5.48E-01	1.42	34	1	1	258	6422	164726	155779	98965	35629	53318	48652	16202	24691	115677	67127
AT1G64770.1	NDF2, NDH45 - NDH-dependent cyclic electron flow 1	5.48E-01	1.06	21	1	1	154121	111146	123220	31310	58169	58377	82887	34151	277652	111537	4608	55348
AT5G13850.1	NACA3 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	5.48E-01	1.43	418	7	3	448887	382194	136475	89929	52650	69613	64537	60543	289811	280248	50407	77999
AT4G20260.1;AT4G20260.4	ATPCAP1, PCAP1 - plasma-membrane associated cation-binding protein 1	5.49E-01	1.13	32	1	1	35970	19235	11501	34192	12838	16288	43103	27089	14677	23120	22845	16134
AT1G80680.1	SAR3, MOS3, PRE, NUP96 - SUPPRESSOR OF AUXIN RESISTANCE 3	5.49E-01	1.07	33	1	1	115991	116432	164989	68287	129353	98840	90794	107576	141512	154476	123628	125592
AT4G26000.1	PEP - RNA-binding KH domain-containing protein	5.50E-01	1.05	172	3	3	41568	20320	81397	70076	68956	54490	58621	67083	58219	51432	65952	51540
AT3G18680.1	Amino acid kinase family protein	5.50E-01	1.06	88	2	2	128927	105296	71911	74422	72682	34613	65605	100374	81749	103916	76411	88710
AT4G31430.1;AT4G31430.2	unknown protein	5.50E-01	22.79	43	1	1	11326	13278	384	0	0	0	0	444	0	641	11	1
AT1G19350.3;AT1G19350.1	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	5.50E-01	1.02	39	1	1	39624	39606	5379	2068	5898	2964	7229	5194	30963	36758	7028	10206
AT3G51800.1	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	5.51E-01	1.34	83	2	2	93794	103693	30154	36097	28114	33321	40588	38287	33826	60207	32880	36731
AT2G20330.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	5.51E-01	1.84	122	3	3	150555	144477	20697	18307	24187	36620	31092	25866	49250	54910	30840	23126
AT3G06720.1	AT-IMP, ATKAP ALPHA, AIMP ALPHA, IMPA-1, IMPA1 - importin alpha isoform 1	5.52E-01	1.06	579	7	6	176447	169422	483357	465190	433465	443921	435448	305241	380762	306447	487932	383646
AT1G54030.1	MVP1 - GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.52E-01	1.28	228	4	4	42040	43355	148010	103799	108436	52653	61017	58517	57018	87416	59937	64097
ATMG00070.1	NAD9 - NADH dehydrogenase subunit 9	5.53E-01	1.05	249	5	5	100226	80442	290275	236133	209233	159668	154452	202872	157208	185599	239282	187314
AT2G35810.1	unknown protein	5.54E-01	6.77	23	1	1	4353	5482	492	95	83	0	27	0	616	504	359	45
AT2G34680.1	AIR9 - Outer arm dynein light chain 1 protein	5.54E-01	1.16	286	5	5	106467	103670	240950	217297	218840	206718	190293	190406	139406	122905	159983	138950
AT5G14950.1	GMII, ATGMII - golgi alpha-mannosidase II	5.55E-01	1.03	22	1	1	33121	62815	229142	172804	196061	87224	92432	205423	95032	128863	146122	140371
AT1G10840.1;AT1G10840.2	TIF3H1 - translation initiation factor 3 subunit H1	5.56E-01	1.03	539	10	10	480896	487717	523226	529359	467518	415826	405784	493549	445232	478747	520667	472645
AT1G21170.1	SEC5B - Exocyst complex component SEC5	5.57E-01	1.44	102	3	3	138784	72842	30959	21044	32085	37401	30694	27645	56223	48947	36371	30672
AT1G45000.1;AT1G45000.2;AT4G27680.1	AAA-type ATPase family protein	5.58E-01	1.09	1078	21	2	67232	67672	215276	291260	265849	243738	239649	111434	219116	137338	290271	255019
AT2G26250.1	FDH, KCS10 - 3-ketoacyl-CoA synthase 10	5.58E-01	5.29	21	1	1	0	22	611	714	756	919	692	698	14596	0	0	0
AT2G30310.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein	5.59E-01	1.08	25	1	1	2197	1885	10829	7167	3942	4135	2099	6151	5441	5641	6915	6274
AT2G04030.1	CR88, EMB1956, HSP90.5, Hsp88.1, AtHsp90.5 - Chaperone protein htpG family protein	5.59E-01	1.04	1263	21	20	1351536	1308028	2299524	1888946	2314484	1864012	2194229	1907388	1841878	1784821	1940726	1822674
AT4G30860.1	ASHR3, SDG4 - SET domain group 4	5.60E-01	1.51	21	1	1	7483	4372	12182	5361	11136	351	1047	4050	6401	4859	455	10211
AT2G45180.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	5.60E-01	1.13	32	1	1	20849	15575	32659	9978	18925	24766	24545	9297	21729	12299	29685	10777
AT1G73980.1	Phosphoribulokinase / Uridine kinase family	5.62E-01	1.11	32	1	1	44463	28398	44319	29220	19499	26612	38883	36900	16011	15127	32931	33728
AT5G66030.1;AT5G66030.2	ATGRIP, GRIP - Golgi-localized GRIP domain-containing protein	5.62E-01	1.14	93	3	3	52778	51020	19686	32463	32756	35222	31909	21903	40224	26715	48118	27912
AT1G74640.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.63E-01	1.22	36	1	1	2644	5172	11727	23226	15327	15401	8530	5091	12916	10914	30317	21632
AT5G46320.1	MADS-box family protein	5.64E-01	1.34	24	1	1	20372	2668	7170	392	1949	847	681	1135	993	857	20131	1177
AT4G39040.1	RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain protein	5.65E-01	1.98	155	2	1	141479	140054	9136	19562	15092	45707	24859	13755	40884	61855	34495	11760
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	5.67E-01	1.08	60	1	1	5949	9951	22637	24717	30568	20978	28622	12728	21963	13630	24576	22290
AT2G17360.1;AT2G17360.2;AT5G58420.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	5.67E-01	1.07	224	3	3	165637	181974	175482	239931	125705	155816	157262	224927	120358	196316	135697	137795
AT2G07707.1	Plant mitochondrial ATPase, F0 complex, subunit 8 protein	5.67E-01	1.06	64	2	2	7428	7933	20246	25418	39859	36998	27329	12715	25944	16242	29765	34318
AT3G28830.1	Protein of unknown function (DUF1216)	5.69E-01	2.30	28	1	1	15000	12033	15654	4143	7276	10073	10002	5937	13110	8977	103068	6462
AT3G11510.1;AT3G52580.1	Ribosomal protein S11 family protein	5.71E-01	1.28	232	4	1	206037	163227	67745	60062	61161	78384	75723	84555	72893	103852	59077	99905
AT3G61260.1	Remorin family protein	5.71E-01	1.07	390	7	6	557051	504643	525393	336465	353384	426421	593946	437687	407604	423875	207234	446668
AT3G21140.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	5.71E-01	1.29	163	4	3	89618	37276	183770	128233	164390	74748	58850	91287	88122	113067	99414	72978
AT2G19090.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	5.71E-01	1.05	368	7	7	1585307	1327958	3254462	2961241	2856497	2426809	2716842	2887179	2096008	2073681	2870842	2537053
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	5.72E-01	1.06	452	6	6	2380482	2191159	1463306	1841247	1584284	1355296	2088253	2190095	1387768	1828842	1976704	1957228
AT2G37240.1	Thioredoxin superfamily protein	5.72E-01	1.46	23	1	1	4598	10196	61148	20404	17383	32557	5868	19334	25395	14078	74169	74327
AT1G51560.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	5.74E-01	1.05	157	5	4	204634	213697	317180	266216	259327	199824	248775	297376	207094	277483	276294	225738
AT5G58220.1	TTL - transthyretin-like protein	5.76E-01	1.15	382	5	1	67751	54490	93040	51157	83614	100487	67024	87331	65922	64815	164987	68763
AT4G34120.1	LEJ1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	5.76E-01	1.13	148	3	3	84839	53238	170932	121951	137565	92927	56019	85469	74052	85216	199164	86519
AT4G28910.1	NINJA - novel interactor of JAZ	5.78E-01	1.09	180	4	4	102378	94386	38993	45721	51843	71961	70453	63057	117137	80017	50903	60493
AT2G27210.1	BSL3 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 3	5.79E-01	1.42	686	12	2	418	5905	5692	8611	4367	6724	3193	559	8754	3661	1866	4311
AT2G19900.1	ATNADP-ME1, NADP-ME1 - NADP-malic enzyme 1	5.79E-01	1.12	23	1	1	12080	10828	44750	76272	77477	45062	14336	57930	39199	41934	82726	62068
AT2G21620.1;AT2G21620.2	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	5.81E-01	1.08	135	4	4	109674	82420	136656	143988	97183	133416	113650	87713	108127	119885	127215	97543
AT3G25800.1;AT3G25800.2	PDF1, PR 65, PP2AA2 - protein phosphatase 2A subunit A2	5.82E-01	1.03	442	7	2	14705	14585	74264	84708	70393	69088	58506	60495	44279	44157	56328	55390
AT3G14290.1	PAE2 - 20S proteasome alpha subunit E2	5.84E-01	1.50	236	4	1	11608	17009	43723	44023	35780	45176	61116	7401	42260	22759	70869	91407
AT5G05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	5.85E-01	1.04	1086	17	17	721324	801043	1872959	1481209	2005612	1488743	1805293	1620954	1277785	1358209	1420780	1246354
AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	5.85E-01	1.05	30	1	1	1106	1002	2700	4706	3483	2837	2416	4779	2319	2456	2611	2113
AT1G13220.2	LINC2 - nuclear matrix constituent protein-related	5.86E-01	2.48	88	2	2	144857	45157	13503	4513	7429	11361	14462	9092	24010	27736	4635	11406
AT4G26110.1	NAP1;1, ATNAP1;1 - nucleosome assembly protein1;1	5.87E-01	1.22	202	4	2	108130	133070	53286	40308	38069	56415	36386	54252	97641	76198	47008	39619
AT4G30410.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	5.87E-01	2.24	24	1	1	7958	5353	1585	5076	2653	9883	3403	3713	4988	4094	52989	3755
AT3G20720.2	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular function unknown; INVOLVED IN: biological process unknown; EXP	5.89E-01	1.10	48	2	2	8897	6610	12210	11782	17191	7933	13202	9316	16728	10043	7136	14928
AT5G49190.1	SUS2, SSA, ATSUS2 - sucrose synthase 2	5.89E-01	1.15	30	1	1	55666	58673	55422	24648	37750	28569	39368	32166	32713	48756	43004	31280
AT1G09620.1	ATP binding;leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases;nucleotide binding;ATP binding;aminoacyl-tRNA ligase	5.90E-01	1.20	274	7	7	47456	50317	82893	106038	135462	122351	83758	67617	87589	62333	76293	77907
AT1G45145.1	ATTRX5, ATH5, LIV1, TRX5 - thioredoxin H-type 5	5.91E-01	1.14	34	1	1	755	194	2190	1056	1766	81	143	1072	1584	1193	0	2870
AT3G54280.2	RGD3 - DNA binding;ATP binding;nucleic acid binding;binding;helicases;ATP binding;DNA binding;helicases	5.91E-01	1.12	52	2	2	151539	120908	31489	22299	33105	54299	22520	20874	47390	53936	205999	18327
AT1G08150.1	ATCHX5, CHX5 - Cation/hydrogen exchanger family protein	5.92E-01	1.07	25	1	1	3204	3575	11086	4212	6255	9640	5631	4600	8731	6522	390	9565
AT2G34070.1	TBL37 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 37	5.92E-01	1.26	23	1	1	42928	37901	145163	147228	127185	112759	185282	36522	103077	68489	192864	189193
AT3G61200.1	Thioesterase superfamily protein	5.93E-01	1.41	74	1	1	3332	2886	3599	12516	11546	12791	4496	3692	7589	3773	7609	5971
AT1G31070.2	GlcNAc1pUT1 - N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase 1	5.93E-01	1.04	31	1	1	1456	669	19133	17724	13098	6957	9422	17818	2178	6265	11042	10124
AT4G14290.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	5.93E-01	1.72	23	1	1	616	810	3320	1337	1796	418	2205	2608	3050	2075	94	4217
AT4G25080.4	CHLM - magnesium-protoporphyrin IX methyltransferase	5.93E-01	1.11	216	4	3	43454	45047	102910	79666	67851	58273	47995	39968	49481	60353	102887	57321
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	5.96E-01	1.02	1744	31	31	2621428	2712865	8293147	7188235	9004442	7619480	6986975	6720923	5031009	5723673	6776016	6978988
AT1G50370.1;AT3G19980.1	Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	5.97E-01	1.16	261	7	6	139587	148807	237583	307873	378295	282851	162642	213523	218111	235550	218611	235771
AT2G41500.1	LIS, EMB2776 - WD-40 repeat family protein / small nuclear ribonucleoprotein Prp4p-related	5.98E-01	1.03	46	1	1	13727	15107	3904	3285	2449	2720	5627	3321	8996	9992	5075	7047
AT1G71190.1	SAG18 - senescence associated gene 18	5.98E-01	1.16	24	1	1	64	1314	1366	2646	3097	518	1067	4834	0	364	2677	1459
AT5G28960.1	unknown protein	6.01E-01	1.11	23	1	1	1156	898	11221	3376	4913	9480	5875	6263	7162	6052	844	8167
AT1G48350.1	Ribosomal L18p/L5e family protein	6.03E-01	1.14	36	1	1	44089	42558	14628	29714	43231	34646	19355	26844	35805	46730	32285	21476
AT3G58900.4	F-box/RNI-like superfamily protein	6.03E-01	1.24	44	1	1	197752	527088	908186	630969	571467	153855	294882	1033731	247766	271021	304948	260458
AT2G34480.1;AT1G29965.1;AT3G14600.1	Ribosomal protein L18ae/LX family protein	6.03E-01	1.40	84	3	2	8738	1621	20650	13252	13001	7915	5962	6000	3410	6497	16920	7711
AT3G29075.1	glycine-rich protein	6.03E-01	7.81	40	1	1	84590	74583	10547	2260	4347	0	1554	1785	8909	8806	0	1537
AT3G16830.1	TPR2 - TOPLESS-related 2	6.05E-01	1.02	416	11	2	18109	21894	92789	81267	71657	56099	57100	55353	63302	57766	49990	52450
ATCG00160.1	RPS2 - ribosomal protein S2	6.05E-01	1.04	314	7	7	169205	139832	395304	266871	300373	261803	292093	326810	224286	264069	231822	255204
AT1G31470.1	NFD4 - Major facilitator superfamily protein	6.06E-01	2.02	27	1	1	73494	71807	17946	6892	9636	1350	3707	2447	31530	21321	26431	4422
AT1G01470.1	LEA14, LSR3 - Late embryogenesis abundant protein	6.06E-01	1.12	133	3	3	34742	43531	58460	80095	92811	83265	69236	20031	77448	49261	68380	65590
AT3G49620.1	DIN11 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	6.07E-01	1.16	55	2	2	25621	35768	22667	89422	79143	64134	73526	20610	62596	39192	95578	76961
AT1G16460.1;AT1G16460.2	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	6.08E-01	1.05	339	6	6	248055	285551	231936	285800	340831	219849	248967	254289	293920	233717	278122	227242
AT2G47940.2;AT2G47940.1	DEGP2 - DEGP protease 2	6.08E-01	1.09	222	4	4	59165	69001	180860	159794	143180	141871	189762	73480	135145	116727	158492	144392
AT1G05830.1	ATX2, SDG30 - trithorax-like protein 2	6.09E-01	3.64	23	1	1	4081	1748	249	87	0	918	262	161	151	393	24646	157
AT3G57090.1	BIGYIN, FIS1A - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.09E-01	1.02	77	1	1	3867	8797	46733	46722	43001	35412	29003	25613	24776	14346	48336	38883
AT1G51805.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	6.10E-01	1.28	73	2	1	15126	11988	7089	39588	26918	19646	18851	8800	17522	9992	18401	20213
AT5G13690.1	CYL1, NAGLU - alpha-N-acetylglucosaminidase family / NAGLU family	6.13E-01	1.36	23	1	1	4986	5735	3573	18691	17970	5367	15122	32361	6777	2362	8501	11663
AT5G58220.3;AT5G58220.2	TTL - transthyretin-like protein	6.14E-01	1.02	366	5	1	31133	21819	98500	71118	82728	77487	77094	98153	40947	63817	1561	109660
AT5G22580.1	Stress responsive A/B Barrel Domain	6.14E-01	1.35	33	1	1	937	0	1801	2226	3843	1207	430	207	4259	7472	692	469
AT1G79550.1	PGK - phosphoglycerate kinase	6.15E-01	1.03	107	2	1	11848	9844	27169	17558	16032	25673	29977	23355	19209	19236	704	19379
AT4G98710.1;AT5G67560.1	ATARLA1C, ARLA1C - ADP-ribosylation factor-like A1C	6.18E-01	1.01	134	3	3	14730	10188	37486	59408	70345	59444	46328	47719	41149	18852	52528	48182
AT1G30630.1;AT2G34840.1	Coatomer epsilon subunit	6.18E-01	1.01	499	10	10	214881	209894	724458	787993	863222	871568	679333	518208	621569	421542	771741	681555
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	6.21E-01	1.03	377	6	6	141794	135904	364833	312344	299471	300445	296021	235579	267662	303977	295118	209657
AT4G23600.1	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	6.21E-01	1.05	31	1	1	264	722	7366	5341	2986	2055	2640	1377	1689	1596	4260	6329
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	6.22E-01	1.03	284	5	5	95427	96044	282606	254471	324255	228987	220492	324131	190161	178390	219216	192025

ATCG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	6.23E-01	1.03	679	9	9	2365080	2526663	6298975	6619104	7677442	6690314	6718048	3906678	5750765	4947740	6282925	5521780
AT5G59890.1;AT3G46010.1	ADF4, ATADF4 - actin depolymerizing factor 4	6.23E-01	1.23	36	1	1	1800	361	1439	9365	9894	7272	8497	8243	4053	3433	472	12387
AT1G15690.1;AT1G15690.2	AVP1, ATAVP3, AVP-3, AtVHP1;1 - inorganic H pyrophosphatase family protein	6.24E-01	1.03	503	9	7	114423	131699	421344	250644	324557	289201	336102	303679	218548	197904	266159	252964
AT4G26630.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	6.24E-01	4.19	60	2	2	37971	45763	465	7214	1818	851	3125	4168	4635	7979	1756	781
AT5G22870.1	Late embryogenesis abundant (LEA) hydroxyproline-rich glycoprotein family	6.24E-01	1.07	25	1	1	377998	421664	1292809	851653	783317	603239	1072585	483686	616881	578359	970386	930982
AT2G32070.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	6.24E-01	1.83	45	1	1	3864	2360	37670	17031	34144	6977	2962	17988	6115	7780	11719	9311
ATCG00380.1	RPS4 - chloroplast ribosomal protein S4	6.25E-01	1.06	576	12	10	719921	622418	1202981	1046042	953367	838419	1065483	1232266	687838	916505	973562	827193
AT3G18760.1;AT3G18760.2	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	6.25E-01	1.26	158	2	2	388311	343626	172336	122105	87445	148919	110452	113332	214063	228091	212281	120967
AT3G52380.1	CP33, PDE322 - chloroplast RNA-binding protein 33	6.25E-01	1.08	576	11	10	3585019	3424762	1717664	1978476	2207796	2325869	1776128	1600201	3926997	3008056	2018166	1785355
AT2G44160.1	MTHFR2 - methylenetetrahydrofolate reductase 2	6.25E-01	1.08	112	3	2	3647	4788	23140	27329	17145	31794	15176	19038	18483	19587	11185	16772
AT1G74050.1;AT1G18540.1	Ribosomal protein L6 family protein	6.26E-01	1.15	168	3	3	38278	46077	81841	62451	47466	22817	37199	26109	47620	31467	70002	48034
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	6.27E-01	1.05	925	13	2	222282	198281	136294	259369	263442	274869	255526	293932	230897	235153	222587	181632
AT3G15220.1	Protein kinase superfamily protein	6.27E-01	1.02	85	2	1	17580	14985	7045	3421	5109	8082	2977	5135	6992	7079	32499	2804
AT3G28710.1	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	6.29E-01	1.07	223	5	1	35701	35596	25184	52667	51209	73255	43516	68483	32111	43519	63329	42637
AT1G11630.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.29E-01	1.90	22	1	1	9945	7311	32707	14103	14102	24468	51690	49173	25423	25051	1137	42185
ATMG00640.1	ORF25 - hydrogen ion transporting ATP synthases, rotational mechanism;zinc ion binding	6.29E-01	1.04	44	1	1	700	547	1412	4319	1046	1883	1870	3430	1315	808	1113	1813
AT2G47380.1	Cytochrome c oxidase subunit Vc family protein	6.30E-01	1.16	26	1	1	13306	10980	17228	12280	8985	4474	6656	10875	11323	14149	7631	7146
AT1G29260.1	PEX7, ATPEX7 - peroxin 7	6.30E-01	1.16	208	5	5	37050	39827	96725	99577	72690	84831	65469	76354	36594	59701	58754	73023
AT5G54440.1	CLUB, AtTRS130 - CLUB	6.30E-01	1.24	230	4	4	24515	18844	69384	69761	71119	58254	22703	62119	33153	38010	51925	43175
AT1G18080.1	ATARCA, RACK1A_AT, RACK1A - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	6.31E-01	1.03	679	13	10	395818	491154	1499337	1091208	1037281	746127	692463	974101	691631	896622	1234417	934571
AT1G09270.1	IMPA-4 - importin alpha isoform 4	6.32E-01	1.03	350	6	6	123591	138520	488123	381983	394549	275247	324418	389098	240063	197615	386630	324382
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	6.32E-01	1.05	162	4	1	44828	44115	42609	37153	17226	14780	42449	23370	29246	30514	48917	36899
AT3G54210.1	Ribosomal protein L17 family protein	6.32E-01	1.95	28	1	1	626	327	1612	1852	2517	3310	6237	1652	4678	5179	88	2123
AT1G54410.1	dehydrin family protein	6.32E-01	1.55	400	5	5	1006125	872911	226987	113442	118368	188076	116600	97310	489008	400901	392482	132967
AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein family	6.32E-01	1.09	331	5	5	2629005	3225019	1892575	1440646	1662741	1988836	1613667	1606199	2689646	2524148	2031936	1299738
AT4G15420.1	Ubiquitin fusion degradation UFD1 family protein	6.32E-01	1.04	86	1	1	1962	3505	3554	4374	6587	1814	868	1196	3980	3308	7905	3711
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	6.33E-01	1.03	890	13	6	459560	464720	723648	662779	717175	757336	673086	609968	613564	603535	718090	681000
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	6.33E-01	1.15	1093	18	18	27159653	25822769	10815353	10919758	11911344	14673433	12864112	11731848	23235504	17284123	13332522	9476075
AT1G67130.1	F-box family protein	6.34E-01	1.03	26	1	1	1058	2248	43030	30201	25212	12757	23484	29900	3634	5523	25393	23405
AT3G53610.1	ATRAB8, AtRab8B, AtRABE1a, RAB8 - RAB GTPase homolog 8	6.36E-01	1.14	149	3	1	16022	11100	8180	23202	20667	21083	15995	10759	14949	10408	20540	14918
AT5G43960.1;AT5G43960.2	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	6.37E-01	1.04	243	5	5	790764	807444	1459904	1275497	1496990	1359169	1180762	1208335	1093084	1074672	1582177	1347091
AT1G67090.1;AT1G67090.2	RBCS1A - ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1A	6.38E-01	1.06	940	14	7	2999794	3277763	4339965	5995108	5277950	5676620	4526046	4527163	4125560	3647565	6273679	6102826
AT1G67580.1	Protein kinase superfamily protein	6.41E-01	1.37	129	3	2	9647	15412	2244	3313	3772	5813	2053	4868	7373	6089	3921	5095
AT2G22795.1	unknown protein	6.41E-01	1.40	627	10	10	238484	265866	48484	99055	52321	116700	97024	73649	141107	86822	94299	92698
AT1G14830.1;AT3G60190.1	ADL1C, ADL5, DRP1C, DL1C - DYNAMIN-like 1C	6.42E-01	1.26	63	1	1	1249	634	2697	2135	1871	175	553	1175	2635	1033	93	1471
AT4G12730.1	FLA2 - FASCICLIN-like arabinogalactan 2	6.43E-01	1.36	41	1	1	33236	34316	4867	8381	9229	8411	4291	7097	17377	26270	8428	9166
AT1G14280.1	PKS2 - phytochrome kinase substrate 2	6.44E-01	1.07	30	1	1	294685	284718	289443	214403	219040	143648	125570	225282	250964	342600	201343	202314
AT4G21180.1	ATERDJ2B - DnaJ / Sec63 Brl domains-containing protein	6.45E-01	1.34	57	2	2	146508	187135	51234	36078	44107	47379	43684	55199	82821	112451	55889	32308
AT3G23280.2	XBAT35 - XB3 ortholog 5 in Arabidopsis thaliana	6.46E-01	1.07	38	1	1	104789	78377	126220	46611	126740	105419	102228	92700	133139	104409	20195	97639
AT1G06970.1	CHX14, ATCHX14 - cation/hydrogen exchanger 14	6.48E-01	1.12	21	1	1	10275	10984	5429	12681	5022	11781	6280	7850	13900	9747	6851	5440
AT4G23690.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	6.49E-01	1.62	84	1	1	1938	405	788	4082	2483	5476	1058	1035	2132	1090	2275	1757
AT2G22170.1	Lipase/lipooxygenase, PLAT/LH2 family protein	6.50E-01	1.11	90	2	2	13300	7994	23496	12795	18542	9219	8119	14359	10086	7857	23832	12731
AT5G03290.1	IDH-V - isocitrate dehydrogenase V	6.52E-01	1.11	129	3	3	74424	71638	134363	126784	109960	102613	164803	108249	130862	83854	139737	62350
AT3G01770.1;AT3G27260.1;AT3G27260.2;AT5G	ATBET10, BET10 - bromodomain and extraterminal domain protein 10	6.52E-01	24.68	68	2	1	4774	4487	2167	0	0	0	19	0	0	198	191	55
AT4G26510.1;AT1G55810.1	UKL4 - uridine kinase-like 4	6.53E-01	1.16	195	5	4	38693	65146	96441	124114	109507	104520	82684	72069	75929	61223	78649	93982
AT2G35050.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	6.54E-01	1.16	545	11	11	504532	418061	217412	155973	212805	251048	223375	223460	375775	316244	164736	213137
AT1G66480.1	plastid movement impaired 2	6.54E-01	11.18	24	1	1	10777	16358	1477	1975	1191	7274	408	808	1710	1903	431273	377
AT2G36390.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	6.55E-01	1.02	1818	36	30	1708008	1763804	4095107	3150151	3986174	4321667	3481133	3162149	3506280	2823942	3568004	2830023
AT4G01800.1;AT4G01800.2	AGY1, AtcpSecA, SECA1 - Albino or Glassy Yellow 1	6.55E-01	1.09	1407	24	23	805730	803942	1119381	1548846	1233637	1421172	986541	1227291	839508	1111832	1131573	1086971
AT4G30220.1;AT2G14285.1;AT4G30220.2	RUXF - small nuclear ribonucleoprotein F	6.57E-01	1.20	115	2	2	453190	316848	212484	142064	193729	122040	181286	233466	221548	273781	135104	158106
AT1G27690.1	Protein of unknown function (DUF620)	6.57E-01	1.15	27	1	1	74759	75265	195178	216640	120045	61371	85647	67949	59834	72886	140045	217410
AT5G35590.1;AT2G05840.1	PAA1 - proteasome alpha subunit A1	6.57E-01	1.04	99	2	2	9936	11970	35593	35860	17201	9587	17906	29694	11709	13508	23160	28851
AT2G35880.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	6.57E-01	1.49	177	4	4	122799	164900	35644	30194	24533	30965	25137	35879	73131	67102	40195	33324
AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	6.59E-01	1.07	452	8	8	229950	265962	340308	428922	351246	398576	330224	375657	261574	217054	345494	359133
AT5G59660.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	6.60E-01	1.06	34	1	1	7871	11420	7301	23424	13947	11995	4121	7565	15542	21369	16762	6251
AT3G47470.1	LHCA4, CAB4 - light-harvesting chlorophyll-protein complex I subunit A4	6.62E-01	1.01	168	2	2	28240	30822	41590	109421	62051	85196	56856	64745	75640	48439	59530	49344
AT2G27460.1	sec23/sec24 transport family protein	6.62E-01	1.04	125	3	3	10482	12915	25997	34587	41827	70363	37744	30750	34444	20214	38886	26492
AT4G28470.1	RPN1B, ATRPN1B - 26S proteasome regulatory subunit S2 1B	6.63E-01	1.11	415	6	2	6795	6574	25186	36642	37788	60454	28463	24382	34292	18834	28118	21616
AT4G37925.1	NDH-M - subunit NDH-M of NAD(P)H:plastoquinone dehydrogenase complex	6.63E-01	1.12	46	1	1	21993	56161	43293	61251	40429	23887	27019	19163	60831	41400	38344	33379
AT5G64300.1	ATGCH, GCH, ATRIBA1, RFD1 - GTP cyclohydrolase II	6.64E-01	1.97	23	1	1	0	14	736	556	639	52	0	299	586	51	1326	1664
AT5G49770.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	6.64E-01	1.10	36	1	1	114472	166231	129651	70335	123152	73543	87980	68790	83877	119219	130040	125138
AT1G70620.1;AT1G70620.3	cyclin-related	6.66E-01	2.18	78	1	1	33377	26528	1062	2599	7978	6348	6667	3353	10837	6016	3389	5460
AT2G20990.1;AT2G21010.1	SYTA, NTMC2TYPE1.1, ATSYTA, NTMC2T1.1, SYT1 - synaptotagmin A	6.67E-01	1.11	46	1	1	9625	10817	25657	23126	22664	16740	36057	20736	11131	21976	16889	14288
AT2G44730.1	Alcohol dehydrogenase transcription factor Myb/SANT-like family protein	6.67E-01	16.02	36	1	1	19489	12488	0	0	0	17	1345	14	49	546	13	30
AT3G54350.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	6.68E-01	5.41	125	2	2	19281	13238	192	793	337	382	436	525	695	2256	1165	1245
AT5G37550.1	unknown protein	6.68E-01	2.58	25	1	1	21322	13691	20148	8207	14539	26987	11666	11119	11859	17045	206241	13132
AT3G44326.1	F-box family protein	6.68E-01	4.59	24	1	1	40523	24521	30858	18332	23794	26082	17904	18685	16226	24108	656618	19972
AT3G46430.1	unknown protein	6.68E-01	1.13	101	3	3	18566	16671	45607	32661	25132	21041	27277	17248	25857	25004	20417	25013
AT1G78270.1	AtUGT85A4, UGT85A4 - UDP-glucosyl transferase 85A4	6.68E-01	1.11	23	1	1	12972	11851	21640	26099	22946	35418	10794	9403	25167	23955	21419	27346
AT2G28305.1	LOG1, ATLOG1 - Putative lysine decarboxylase family protein	6.69E-01	1.00	21	1	1	1387	3036	9625	11067	14988	1890	1589	11340	6019	7712	6647	8530
AT3G49650.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	6.69E-01	1.10	23	1	1	969	4406	7776	2107	5913	9295	10254	3537	6486	1796	7745	3736
AT1G54100.1	ALDH7B4 - aldehyde dehydrogenase 7B4	6.69E-01	1.21	32	1	1	3508	1586	11857	5184	16363	27753	12808	9958	9560	7009	8060	7278
AT3G50240.1	KICP-02 - ATP binding microtubule motor family protein	6.71E-01	1.36	22	1	1	702	747	2528	1784	2018	394	1995	1879	2698	1454	172	2957
AT5G22800.1	EMB86, EMB1030, EMB263 - Alanyl-tRNA synthetase, class IIc	6.72E-01	1.14	33	1	1	9279	4137	22398	11739	15516	14574	9750	30630	12849	7109	11004	17333
AT5G46580.1	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	6.73E-01	1.20	47	1	1	3180	1718	7535	8317	8042	6344	1972	7680	3729	6722	6124	3107
AT1G19520.1	NFD5 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	6.74E-01	1.01	46	1	1	729	9313	3530	4382	5171	3570	5842	4250	4743	6681	1909	3576
AT3G02840.1	ARM repeat superfamily protein	6.74E-01	1.00	28	1	1	8402	6813	28918	12512	9959	18212	23309	17589	12556	11180	765	19672
AT5G64290.1	DCT, DIT2.1 - dicarboxylate transport 2.1	6.75E-01	1.08	43	1	1	897	2318	18465	14292	11593	5019	21965	15170	2981	8486	4043	4244
AT4G37210.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.76E-01	2.11	31	1	1	17543	8714	0	0	402	1947	0	0	6252	6134	2	1159
AT4G33430.2	BAK1 - BRI1-associated receptor kinase	6.76E-01	1.17	34	1	1	566	682	3886	3939	6029	7489	3020	2492	2421	2744	5084	3546
AT3G54980.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	6.76E-01	1.50	25	1	1	194260	96495	20760	36333	35302	61537	55476	44172	64453	60261	34867	38049
AT2G42470.1	TRAF-like family protein	6.76E-01	1.64	31	1	1	102	5	3867	1145	1671	19	3609	2934	679	581	0	3394
AT1G70410.2;AT1G23730.1	ATBCA4, BCA4 - beta carbonic anhydrase 4	6.76E-01	1.03	450	9	9	449734	469818	888287	848246	1092536	790030	884042	702109	644358	785286	1019742	657311
AT3G24550.1	ATPERK1, PERK1 - proline extensin-like receptor kinase 1	6.77E-01	1.34	36	1	1	24334	19077	6894	4830	5654	8351	12018	5373	7865	8975	10123	7404
AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	6.77E-01	1.28	152	5	5	1031188	957469	216944	342140	284158	312730	265068	262218	636499	699914	301346	300924
AT4G32640.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	6.77E-01	1.12	190	4	4	102379	105740	259164	163863	203045	162299	179960	165866	139223	139249	136080	128308
AT2G22125.1	CSI1 - binding	6.80E-01	1.36	226	6	6	26100	26837	118041	105145	114794	113941	52911	58199	59921	52248	82962	63853
AT3G12670.1	emb2742 - CTP synthase family protein	6.81E-01	1.25	39	1	1	1258	1678	35633	13165	15325	10346	11190	13094	3108	10699	11410	12516
AT5G22780.1;AT5G22770.1	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	6.82E-01	1.25	1234	18	18	366446	405287	1336070	1076319	1248673	1116161	791937	630495	671687	691687	879051	784310
AT2G17790.1	VPS35A, ZIP3 - VPS35 homolog A	6.83E-01	1.37	202	3	2	21390	16985	77755	56236	102519	101927	56420	28075	39038	32819	73686	45507
AT4G15310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	6.83E-01	2.06	84	2	1	359	385	8401	7247	8690	6523	2121	422	2709	2151	2887	5067
AT3G06860.1;AT4G29010.1	MFP2, ATMFP2 - multifunctional protein 2	6.83E-01	1.17	40	1	1	520	1749	4948	17179	9908	7200	7418	5396	6556	1766	5769	8708
AT3G60240.2;AT3G60240.3	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	6.84E-01	1.52	90	2	1	7656	11761	10587	7206	7394	10373	5959	4788	13093	11912	40916	6663
AT1G16880.1;AT1G16880.2	uridylyltransferase-related	6.84E-01	1.07	337	6	6	1710431	2316900	2299801	1743042	1364046	1100290	1667139	1392525	1568953	2301144	1896871	982948
AT3G05970.1	LACS6, ATLACS6 - long-chain acyl-CoA synthetase 6	6.84E-01	1.05	122	4	4	191528	235086	214164	296473	302302	262224	264334	265357	220482	221740	234031	229949

AT3G13170.1	ATSPO11-1 - Spo11/DNA topoisomerase VI, subunit A protein	6.86E-01	1.28	26	1	1	79900	89648	312027	155084	160288	6413	195074	147207	275664	183243	7743	222239
AT3G14180.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	6.86E-01	1.63	139	3	2	58552	45634	11050	6572	6779	16648	12289	9712	16821	14115	24823	11218
AT4G16130.1	ARA1, ISA1, ATISA1 - arabinose kinase	6.87E-01	1.05	273	5	4	37395	24640	118337	108306	179742	130753	96329	83135	116013	63323	95626	113516
AT5G48580.1	FKBP15-2 - FK506- and rapamycin-binding protein 15 kD-2	6.87E-01	1.04	26	1	1	2187	2326	2585	1453	2156	904	1152	810	3530	1665	2818	1195
AT3G22890.1;AT4G14680.1	APS1 - ATP sulfurylase 1	6.89E-01	1.04	440	11	8	201317	189608	370046	277032	368295	450105	306892	297036	402304	259242	422314	246383
AT1G77760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	6.89E-01	1.56	381	6	4	905934	857358	115488	244474	144447	220059	210392	265552	267880	442252	192133	213450
AT3G61440.1;AT3G61440.2	ATCYSC1, ARATH;BSAS3;1, CYSC1 - cysteine synthase C1	6.90E-01	1.06	109	3	2	25985	23254	20034	20404	22893	12662	16718	25007	22143	31356	21902	16100
AT3G07460.2	Protein of unknown function, DUF538	6.90E-01	1.27	48	2	1	4425	4777	2041	2490	3096	3635	207	3593	9704	7970	2207	2286
AT5G54960.1	PDC2 - pyruvate decarboxylase-2	6.90E-01	1.03	534	12	12	549678	519666	934920	991112	1042718	1088080	949448	914942	654365	788333	1008860	965555
AT1G73960.1	TAF2 - TBP-associated factor 2	6.90E-01	1.48	23	1	1	1195	1460	7376	6356	15264	10742	3647	3046	9351	8199	1508	2939
AT5G27450.1	MVK, MK - mevalonate kinase	6.91E-01	10.82	25	1	1	140	172	1336	0	797	156	6370	6821	0	0	6442	8508
AT3G28715.1;AT3G28715.2	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	6.92E-01	1.08	221	6	2	16781	8497	76105	63945	39124	40572	41507	43395	38779	25745	42717	33920
AT5G01750.2;AT5G01750.1	Protein of unknown function (DUF567)	6.92E-01	1.04	189	4	4	155683	179533	342989	242843	211824	183651	312714	242924	176300	203607	222269	210128
AT1G13320.1	PP2AA3 - protein phosphatase 2A subunit A3	6.92E-01	1.13	411	8	5	85576	75847	169810	115733	213858	147198	120392	129872	97455	104759	164737	97329
AT1G56210.1	Dormancy/auxin associated family protein	6.93E-01	1.28	157	3	2	194143	174243	67835	35634	60903	64563	72331	57395	121950	107642	45020	61157
AT1G65680.1	ATEXPB2, EXPB2, ATHEXP BETA 1.4 - expansin B2	6.94E-01	2.21	26	1	1	97232	57109	6700	8928	11296	6136	10120	16542	10644	18594	15050	13946
AT4G31120.1;AT4G31120.2	SKB1, ATPRMT5 - SHK1 binding protein 1	6.94E-01	1.12	266	7	7	104915	90267	169714	176008	193648	238915	161230	150592	142957	154943	128830	128690
AT1G24490.1	ALB4, ARTEMIS - OxaA/YidC-like membrane insertion protein	6.95E-01	1.08	48	2	2	32802	65706	61257	56527	61679	40421	45508	51101	55124	50987	52767	39926
AT1G04430.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	6.95E-01	1.15	80	2	2	1391	1612	6711	10948	14433	9144	5561	5189	6935	4529	8487	7897
AT5G26000.1;AT1G51490.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	6.95E-01	1.07	387	7	6	117674	144436	280662	205528	176275	137355	164404	205887	148421	141910	316996	161442
AT2G18740.1;AT2G18740.2	Small nuclear ribonucleoprotein family protein	6.96E-01	1.16	38	1	1	15217	30847	95724	62786	67757	37560	67475	11894	40918	22939	74165	49629
AT3G09850.1	D111/G-patch domain-containing protein	6.96E-01	2.22	25	1	1	10348	11330	2309	1423	0	2556	700	5105	2188	746	1853	1982
AT1G64520.1;AT5G42040.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	6.97E-01	1.13	811	13	12	800831	854698	1851523	1527009	1946247	1526040	1443362	1348802	1057356	1138691	1353873	1218918
AT1G20620.1;AT1G20620.2;AT1G20620.4;AT1G	CAT3, SEN2, ATCAT3 - catalase 3	6.97E-01	1.02	2746	37	30	18200718	17979000	33111444	27121124	28153990	23865602	25374828	24371625	25430560	25691131	27638781	22698428
AT4G32590.1	2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	6.98E-01	2.33	85	1	1	995	395	965	1283	1503	0	1880	2543	2214	1880	0	3464
AT1G27510.1	Protein of unknown function (DUF3506)	7.00E-01	1.14	30	1	1	15793	34917	13579	10363	21453	7697	7118	12329	12430	31566	14803	12491
AT1G80410.2;AT1G80410.1	EMB2753 - tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	7.00E-01	1.05	30	1	1	4746	1546	7106	11998	14156	15034	6090	8365	6198	12269	7047	11993
AT4G35830.1	ACO1 - aconitase 1	7.02E-01	1.38	54	2	2	7149	9870	27899	48656	45221	39558	12974	16940	27877	14747	27941	28404
AT5G27640.2	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	7.02E-01	1.65	1243	22	1	577	604	837	443	347	2056	0	1438	1609	694	2370	1917
AT3G13460.1;AT3G13460.3;AT3G13460.4	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	7.03E-01	1.03	149	3	2	44523	34327	19476	19201	19272	24039	24957	20889	23851	28509	36777	30046
AT1G36320.1	unknown protein	7.06E-01	1.17	54	2	1	352	376	628	7038	2845	1802	2658	338	342	2185	5461	4241
AT1G75560.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	7.06E-01	4.69	153	3	3	11800	23099	117	712	487	4	200	610	3135	2294	0	1486
AT2G37170.1	PIP2B, PIP2;2 - plasma membrane intrinsic protein 2	7.08E-01	2.29	154	3	1	396	0	974	4521	3206	5169	9433	12255	1596	3889	0	5555
AT3G23820.1	GAE6 - UDP-D-glucuronate 4-epimerase 6	7.09E-01	1.02	22	1	1	15928	11423	23059	34504	15320	33118	22077	30183	10991	21311	4965	41145
AT1G66670.1	CLPP3, NCLPP3 - CLP protease proteolytic subunit 3	7.10E-01	1.04	249	4	4	315782	387973	527735	434682	375155	267448	287540	426915	398214	451026	366353	460498
AT5G37350.1	Serine/threonine-protein kinase Rio1	7.10E-01	1.18	31	1	1	20060	18654	10677	7040	11235	12606	13255	9584	30346	22793	7202	11719
AT2G30950.1	VAR2, FTSH2 - FtsH extracellular protease family	7.10E-01	1.06	277	3	1	6525	6995	12714	10922	15444	9163	1009	14629	8281	15837	11612	14138
AT4G29130.1	ATHXK1, GIN2, HXK1 - hexokinase 1	7.12E-01	1.23	20	1	1	14533	6952	127677	50713	89117	63745	57901	56751	40659	32929	51929	47227
AT2G32920.1	ATPDIL2-3, PDI9, ATPDI9, PDIL2-3 - PDI-like 2-3	7.13E-01	1.05	77	2	2	4427	4987	25910	27999	16635	31613	24326	7926	20062	13601	18123	21889
AT4G27090.1;AT2G20450.1	Ribosomal protein L14	7.15E-01	1.06	168	3	3	89274	110417	158141	188091	134563	109515	118812	111518	121938	79336	143801	166658
AT3G05560.1;AT5G27770.1	Ribosomal L22e protein family	7.16E-01	1.40	53	2	2	95191	95799	18827	17504	16859	32066	16033	18974	53387	36331	48876	23190
AT1G42480.2	unknown protein	7.17E-01	1.08	89	3	1	8503	7794	17669	40317	23328	37420	23920	7323	27945	16409	42085	28631
AT3G26840.1	Esterase/lipase/thioesterase family protein	7.18E-01	1.09	24	1	1	4908	4433	13470	11733	9577	3881	2667	13815	4621	12041	6188	4737
AT4G16155.1;AT3G16950.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	7.18E-01	1.10	336	6	6	115959	121898	237593	134220	127328	84089	156057	124349	100659	148860	116640	99976
AT5G25980.2;AT5G25980.1	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	7.18E-01	1.02	461	10	8	206650	229623	503142	356532	392633	302259	373253	296650	345095	268640	385782	355148
AT2G41350.2;AT2G41350.1	unknown protein	7.20E-01	1.84	48	1	1	519	524	1524	935	1067	1681	2161	2802	2534	1783	0	2196
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	7.20E-01	1.00	2017	37	29	2105399	2167967	5190690	4541491	5712405	4545660	4285075	4416658	3424181	3986163	4164950	3913267
AT2G33220.1	GRIM-19 protein	7.20E-01	1.21	27	1	1	31	1272	7605	8030	9205	6903	24151	1098	3601	7998	2271	894
AT1G17360.1	unknown protein	7.20E-01	3.36	110	2	2	43488	38374	1001	1154	2635	879	2661	1290	11851	6917	1157	2155
AT4G34310.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.21E-01	11.51	21	1	1	86221	94293	8286	2665	0	0	5782	3317	2598	4940	0	0
AT5G08530.1	CI51 - 51 kDa subunit of complex I	7.21E-01	1.00	223	6	6	152194	179258	423494	468594	391225	339696	295235	328567	300676	250146	396294	392789
AT4G38220.2;AT4G38220.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein	7.22E-01	1.29	63	2	2	3982	2173	16859	4312	7473	9252	3385	6802	3020	7126	28365	8146
AT1G27100.1	Actin cross-linking protein	7.23E-01	6.75	44	1	1	5985	3052	0	0	0	0	49	0	122	113	1055	0
AT1G16710.2	HAC12 - histone acetyltransferase of the CBP family 12	7.23E-01	1.15	22	1	1	8999	25969	34371	35209	33106	9137	8434	42946	19152	28589	10672	18197
AT1G04080.1;AT1G04080.2;AT1G04080.3	PRP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.23E-01	1.00	1138	18	18	782580	756968	1434731	1479922	1797382	1834383	1443823	1164046	1325160	1311677	1555078	1317657
AT5G13430.1;AT5G13440.1	Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit	7.26E-01	1.00	59	1	1	159652	175381	58848	125955	87714	90830	98537	118058	120066	120573	112219	127053
AT1G26460.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.26E-01	1.02	84	2	1	18011	25333	32610	37357	74872	64623	50733	37222	42683	27362	43188	47449
AT2G44820.1	unknown protein; Has 70 Blast hits to 70 proteins in 25 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 9; Fungi - 4; I	7.27E-01	1.10	21	1	1	41316	25138	48709	21349	46620	40493	43054	41180	38667	31444	4237	86392
AT5G48790.1	Domain of unknown function (DUF1995)	7.28E-01	1.01	46	1	1	13659	7250	21833	35715	50451	49560	34955	36024	27146	11358	37134	29331
AT5G13310.1	unknown protein	7.28E-01	1.24	29	1	1	25484	25670	17387	3678	14955	8649	3742	15628	12409	16057	17490	11648
AT1G22330.1;AT1G78260.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	7.28E-01	1.07	51	1	1	10353	8215	8383	4635	6548	9107	7929	5420	9393	5811	7127	8599
AT2G37230.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.29E-01	1.12	31	1	1	43769	34744	100445	67837	81761	49110	51585	38829	61754	72406	59067	52878
AT5G16130.1;AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e family protein	7.31E-01	1.17	91	2	2	29397	28162	84777	48565	57652	23632	33292	49459	24990	37355	48985	38055
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	7.32E-01	1.07	313	4	4	218401	233432	262165	196434	238228	116304	237194	174909	200905	234649	151805	182750
AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.33E-01	1.06	343	8	7	28176	11806	75015	74012	109522	106376	69431	82163	45731	33665	82907	67067
AT5G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	7.33E-01	1.03	334	9	9	253651	240787	394326	407726	448040	520083	472702	364382	327987	355105	477520	324977
AT2G37190.1;AT3G53430.1	Ribosomal protein L11 family protein	7.34E-01	1.09	122	3	3	232951	204167	305803	260604	207375	181413	409845	263844	153778	222403	270436	197654
AT2G24050.1	eIFiso4G2 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	7.36E-01	1.17	39	1	1	75	3421	1728	962	734	2530	910	792	762	937	2274	2368
AT4G35660.1	Arabidopsis protein of unknown function (DUF241)	7.36E-01	1.07	23	1	1	59248	4853	14318	51557	38093	22541	27080	60738	12692	11197	47409	44897
AT2G45820.1	Remorin family protein	7.37E-01	1.07	142	4	4	241671	194312	196217	121897	130830	185234	189650	175687	150866	164575	179610	144132
AT5G47890.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase B8 subunit, putative	7.38E-01	1.01	97	1	1	39236	17483	7097	12884	16112	16280	19641	16099	9753	21715	21459	19472
AT1G74800.1	Galactosyltransferase family protein	7.38E-01	1.08	27	1	1	33625	12917	87892	42215	42950	6678	36301	39042	31057	25266	1277	76844
AT5G38430.1	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	7.41E-01	1.01	1039	17	5	357067	458513	1242605	1002789	1195672	836203	672753	799941	675761	855959	1108424	939761
AT1G15290.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.42E-01	1.04	132	3	2	48863	40976	10661	3680	7978	11663	16990	13211	39847	39331	4035	15204
AT5G57110.1	ACA8, AT-ACA8 - autoinhibited Ca2+ -ATPase, isoform 8	7.42E-01	17.37	64	1	1	23412	26449	0	0	0	0	0	0	1688	1182	0	0
AT3G12020.2;AT3G12020.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.43E-01	1.31	168	4	4	58644	61537	16176	15311	14624	10967	14459	15897	36652	38423	19115	10853
AT4G34890.1	ATXDH1, XDH1 - xanthine dehydrogenase 1	7.43E-01	1.14	72	1	1	9311	2016	11787	6095	6901	3246	1843	11001	2711	6893	6121	6023
AT3G07090.1	PPPDE putative thiol peptidase family protein	7.44E-01	1.14	149	3	3	77007	102347	237084	215444	210868	143634	113703	201503	109333	136111	161632	145170
AT2G43990.1	unknown protein	7.44E-01	1.04	68	3	3	31138	29602	49331	37078	32069	22268	18623	37537	31422	53309	26853	26606
AT2G30050.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	7.45E-01	1.06	268	6	4	149997	83050	182095	153228	143423	104718	88186	110875	124409	129557	157965	155826
AT3G63160.1	unknown protein	7.46E-01	1.03	192	2	2	1016094	852838	1092530	1174074	1077135	1267782	1309604	1208985	808316	1073716	1152912	1141800
AT2G43945.1	unknown protein	7.46E-01	1.10	269	5	2	23690	25901	48586	35628	31652	50934	48868	60707	28308	34222	19608	46494
AT1G71790.1	Subunits of heterodimeric actin filament capping protein Capz superfamily	7.46E-01	1.20	22	1	1	21928	11476	26263	5867	31510	27759	54838	23240	28721	9342	759	33164
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	7.47E-01	1.02	1424	24	5	310844	290719	699159	437052	663252	467472	656048	575196	425007	505879	398678	374740
AT5G52882.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.48E-01	1.18	27	1	1	114384	87331	42546	27105	32046	61118	48655	39358	77923	75450	31422	36626
AT4G25660.1	PPPDE putative thiol peptidase family protein	7.48E-01	1.06	20	1	1	257	422	32050	21891	20628	11199	22763	24768	797	1316	15648	16132
AT3G22320.1	ATRPABC24.3, RPB5A, NRPB5, NRPD5 - Eukaryotic rpb5 RNA polymerase subunit family protein	7.49E-01	1.38	52	1	1	2195	1510	12752	7091	9960	8412	4553	8682	4028	4378	6131	2711
AT2G45710.1;AT5G47930.1	Zinc-binding ribosomal protein family protein	7.49E-01	1.00	178	3	3	221679	149890	478594	281883	404607	208522	352028	350989	211607	318447	272865	245281
AT5G17710.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	7.49E-01	1.08	407	6	6	466822	368939	276284	231964	203269	207581	315128	214255	306255	356607	235976	191349
AT4G22970.1	RSW4, AESP, ESP - homolog of separase	7.51E-01	7.82	23	1	1	469644	499706	1762	2182	4560	16492	10248	8888	41744	54170	5954	6079
AT2G19860.1	ATHXK2, HXK2 - hexokinase 2	7.51E-01	1.19	57	2	2	20149	20374	74722	44313	71235	60874	68378	44519	24248	30145	39942	37951
AT5G08650.1	Small GTP-binding protein	7.51E-01	1.18	141	3	3	11131	10961	35510	30822	39822	32935	25644	10927	27092	17170	27609	27702
AT2G42690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	7.52E-01	1.09	128	3	2	34398	60741	95742	73896	78583	86132	44763	77488	66680	59046	77632	67419
AT3G62410.1	CP12-2, CP12 - CP12 domain-containing protein 2	7.53E-01	1.21	101	2	2	44312	53114	57158	44536	37992	49926	16671	47385	88193	57919	58964	77685
AT3G11940.1	ATRPS5A, AML1, RPS5A - ribosomal protein 5A	7.55E-01	1.03	426	5	1	351644	344862	477263	587695	578443	498526	571712	363933	540075	235863	485169	549925

AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	7.55E-01	1.01	432	8	5	70389	79275	144717	197805	202377	243283	194091	154407	150177	89717	152282	204278
AT5G20250.4	DIN10 - Raffinose synthase family protein	7.56E-01	1.15	29	1	1	11445	10960	9889	2374	7562	25	6723	3825	14343	7049	401	4427
AT1G49710.1	FUT12, ATFUT12, FUCTB, FUCT2 - fucosyltransferase 12	7.57E-01	1.14	23	1	1	49620	52692	84144	105332	57283	116469	72272	125861	82737	91038	5339	154937
AT5G62810.1	PEX14, ATPEX14, PED2 - peroxin 14	7.58E-01	5.04	96	1	1	12450	9985	0	0	0	136	785	786	0	0	967	1943
AT1G01910.1;AT1G01910.5	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	7.59E-01	1.14	119	3	3	53637	57713	120694	109537	161118	120303	108819	100911	81909	72462	90758	93452
AT5G25560.1	CHY-type/CTCHY-type/RING-type Zinc finger protein	7.61E-01	1.65	23	1	1	3264	2355	6197	2363	8298	5151	11198	1584	20106	3359	90	9348
AT1G24190.1	SIN3, ATSIN3, SNL3 - SIN3-like 3	7.62E-01	1.05	24	1	1	4395	6958	5103	5051	9360	238	7772	4232	7834	4862	48	4751
AT4G02320.1	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	7.62E-01	1.57	26	1	1	2593	1610	7745	2122	3827	5074	3085	1642	1102	1735	26569	1943
AT1G02130.1	ATRAB1B, ARA5, ARA-5, ATRABD2A, RABD2a, RA-5 - RAS 5	7.63E-01	1.04	165	3	1	8033	8291	9122	24792	21642	23215	12754	14659	15716	12043	17949	18538
AT3G09440.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	7.63E-01	1.04	1750	29	7	218025	163379	837302	701939	720423	412184	515298	668021	283971	402706	547766	507813
AT4G34412.1	unknown protein	7.64E-01	1.47	21	1	1	0	0	2829	5428	3209	1326	0	2280	2574	209	602	3038
ATCG00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	7.65E-01	1.06	225	4	4	116420	128074	85162	67518	67360	52315	58269	59957	106303	130496	73440	58686
AT3G17410.1	Protein kinase superfamily protein	7.65E-01	1.15	54	2	1	1292	826	6438	2488	3464	527	2985	2062	3248	1479	1033	2219
AT4G14600.1	Target SNARE coiled-coil domain protein	7.65E-01	1.33	21	1	1	473	1057	6655	6350	5043	12842	4257	3993	3561	2510	6174	3877
AT1G79650.1;AT1G79650.3;AT1G79650.4	RAD23, RAD23B - Rad23 UV excision repair protein family	7.66E-01	1.73	205	4	2	366569	320422	207922	142353	183805	281195	169379	156761	231521	249356	1647359	148483
AT2G39020.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	7.67E-01	1.02	528	9	8	818298	979398	2207702	1689688	2260277	1636819	1579615	1620299	1597216	1626563	1482374	1538475
AT4G10840.1;AT4G10840.2	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	7.67E-01	1.15	330	5	5	96246	85993	202553	187735	267660	284526	185491	104964	162507	122444	218419	183691
AT4G29810.2;AT4G26070.1;AT4G29810.1	ATMKK2, MKK2, MK1 - MAP kinase kinase 2	7.67E-01	1.08	97	2	2	53017	47841	72826	103506	101726	70638	73956	71393	76977	53353	71832	68159
AT4G33650.1	ADL2, DRP3A - dynamin-related protein 3A	7.67E-01	1.01	643	13	9	38928	53047	109380	111431	139770	105473	93776	122937	77700	76719	98277	81764
AT3G08943.1;AT3G08947.1	ARM repeat superfamily protein	7.68E-01	1.15	672	11	11	232193	241287	590744	440868	691373	578683	341630	421222	366362	461538	451436	369411
AT4G26720.1	PPX1, PPX-1 - protein phosphatase X 1	7.71E-01	1.22	47	2	1	3003	4419	2785	10649	9525	7261	5293	5356	5252	4017	5768	5105
AT3G42050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	7.72E-01	1.17	226	5	5	149378	123105	426019	298168	327882	173758	220769	221438	185671	196317	233036	222061
AT4G13940.1;AT4G13940.2;AT4G13940.3;AT4G	HOG1, EMB1395, SAHH1, MEE58, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	7.73E-01	1.01	2267	44	19	2475783	2477431	4106175	5705174	6220000	6659404	5166157	4509485	4420316	3221469	5104354	4994345
AT5G53530.1	VPS26A - vacuolar protein sorting 26A	7.74E-01	1.02	70	2	1	39409	23714	24910	16792	18669	32963	30440	31395	23337	27302	18517	28112
AT1G60070.2;AT1G60070.1	Adaptor protein complex AP-1, gamma subunit	7.74E-01	1.14	108	3	2	7476	3779	23577	28544	49136	35936	20656	23311	23641	10161	32649	19283
AT1G21640.1	NADK2, ATNADK2 - NAD kinase 2	7.74E-01	1.04	122	3	3	44503	53651	171995	128155	141411	98597	98152	125027	101393	82823	112950	94871
AT5G63220.1	unknown protein	7.75E-01	1.24	84	2	2	10352	11495	10772	18789	46923	28380	16835	12402	18458	11814	16174	26638
AT3G27820.1	ATMDAR4, MDAR4 - monodehydroascorbate reductase 4	7.75E-01	1.08	33	1	1	13818	18210	6179	7873	13082	13956	13964	8187	16297	6201	10463	12515
AT1G11530.1	ATCXXS1, CXXS1 - C-terminal cysteine residue is changed to a serine 1	7.76E-01	1.03	106	2	2	42645	47301	67317	57008	66264	45722	51469	70384	34955	53186	56186	49962
AT3G13950.1	unknown protein	7.77E-01	1.19	24	1	1	2204	2176	10274	16304	13027	22072	13341	9865	8064	5613	11385	7280
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	7.77E-01	1.01	381	6	6	182362	263278	573537	530581	457574	306824	375614	553855	332982	261136	389651	419641
AT3G48750.1;AT1G11410.1;AT4G23230.1	CDKA;1, CDC2AAT, CDK2, CDC2, CDC2A, CDKA1 - cell division control 2	7.77E-01	1.03	159	5	4	18938	13755	34116	25330	30277	15339	34372	23778	16964	17182	23027	26389
AT3G21220.1	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEK5, MEK5 - MAP kinase kinase 5	7.78E-01	1.02	114	3	3	64182	47871	91576	75151	89732	76356	82357	88040	64569	79148	79895	59911
AT2G06850.1;AT3G23730.1;AT5G13870.1	EXGT-A1, EXT, XTH4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 4	7.80E-01	1.06	416	9	9	465077	393756	854183	675826	738673	554954	834509	575971	506028	506189	497635	551783
AT5G52240.1	MSBP1, ATMP1, AtMAPR5 - membrane steroid binding protein 1	7.81E-01	1.12	49	1	1	15136	23896	12769	31549	26362	37908	20063	20269	22032	21121	26523	21423
AT4G34150.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	7.83E-01	1.52	104	2	2	2312	17438	42872	46357	25324	17431	16917	26382	11755	9842	16653	18555
AT5G11040.1	TRS120, ALTRS120 - TRS120	7.84E-01	1.09	100	2	2	20714	22846	73302	79431	111205	96765	66848	52237	56519	45095	76382	74282
AT4G27690.1	VPS26B - vacuolar protein sorting 26B	7.84E-01	1.05	58	2	1	6805	5080	28415	20755	23998	12792	25906	16752	14475	12835	10930	12083
AT3G11770.1	Polynucleotidyl transferase, ribonuclease H-like superfamily protein	7.84E-01	1.01	72	1	1	78390	67342	82369	98186	111893	74898	159285	98473	60541	79700	71286	48512
AT1G20330.1	SMT2, CVP1, FRL1 - sterol methyltransferase 2	7.85E-01	1.73	48	1	1	477	604	6693	5069	4948	6540	2719	2635	1867	2990	1275	2583
AT1G43560.1	Atv2, Iy2 - thioredoxin Y2	7.86E-01	1.23	57	1	1	12021	2138	4825	6984	9702	6225	624	1597	16739	13146	12115	7222
AT3G02555.1	unknown protein	7.86E-01	1.11	26	1	1	4840	8573	40624	35098	47338	29857	18323	29521	30944	11871	24539	34509
AT5G40810.1;AT3G27240.1	Cytochrome C1 family	7.87E-01	1.06	173	3	3	80625	90549	163607	145593	143278	134798	154455	119784	88235	119317	109556	124874
AT1G17600.1	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	7.87E-01	1.00	32	1	1	9992	10312	4855	3841	2186	1439	2457	1952	14007	10110	1397	2763
AT1G09880.1	Rhamnogalacturonate lyase family protein	7.87E-01	1.04	22	1	1	999	164	1263	411	532	71	761	294	517	1117	129	472
AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	7.88E-01	1.14	558	12	12	2073822	2096880	893865	699979	867690	862841	1061629	939263	1319087	1664090	843011	751709
AT3G13290.1	VCR - varicose-related	7.88E-01	1.18	463	7	3	10213	10035	19174	24468	26065	42794	15013	17402	30324	19344	12814	17732
AT4G00165.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	7.88E-01	1.27	54	2	1	270	109	2073	7338	4624	7022	4034	5345	1358	2339	248	3579
AT1G31230.1	AK-HSDH I, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase i	7.89E-01	1.11	299	7	4	29528	29360	40102	63254	69583	69054	48897	31691	52346	38978	58605	41545
AT3G11830.2	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	7.89E-01	1.03	324	7	7	97008	104033	418828	360590	315277	285663	288819	177765	246700	167644	373232	280145
AT5G18420.3;AT5G18420.1	unknown protein	7.90E-01	1.02	95	2	1	506	1405	1791	3707	4191	3328	1014	4757	1594	3640	2233	2026
AT1G55670.1	PSAG - photosystem I subunit G	7.92E-01	1.13	33	1	1	652	724	3306	1248	3178	3292	2720	1558	4150	2101	386	3054
AT1G23780.1	F-box family protein	7.92E-01	1.09	27	1	1	13042	14709	156417	101660	154158	158235	122852	207195	16151	26938	154859	125129
AT5G41190.1	unknown protein	7.93E-01	1.04	36	1	1	63482	69080	21385	20816	19282	30301	32537	21114	48753	42849	40113	30450
AT5G11060.1;AT5G25220.1	KNAT4 - KNOTTED1-like homeobox gene 4	7.94E-01	1.02	30	1	1	4470	5556	10185	7973	12442	14432	13736	7452	11226	5414	8635	9763
AT4G04920.1	SFR6 - sensitive to freezing 6	7.95E-01	1.44	21	1	1	13360	21411	883	6491	5853	8650	6145	1570	8734	8776	6565	7425
AT4G14160.2;AT2G21630.1;AT4G14160.3	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.96E-01	1.13	857	16	13	321071	318441	850745	835869	925678	655924	776317	687544	403408	461145	653348	472428
AT4G22300.1	SOBER1 - carboxylesterases	7.96E-01	5.49	25	1	1	11136	9924	321	22	1	511	481	262	594	2621	5	26
ATMG00510.1	NAD7 - NADH dehydrogenase subunit 7	7.97E-01	1.04	71	1	1	79232	46411	51767	70790	57503	72531	47366	67691	56932	79520	54632	59214
AT3G05130.1	unknown protein	7.99E-01	1.77	23	1	1	2748	1468	44082	27585	33923	20673	3798	24455	9635	6870	12103	16797
AT2G35390.1;AT2G35390.3	Phosphoribosyltransferase family protein	7.99E-01	1.04	535	9	3	96390	95345	433843	280480	290238	215561	242018	265107	150055	148908	309655	245679
AT2G18960.1;AT1G17260.1;AT2G07560.1;AT2G	AHA1, PMA, OST2, HA1 - H(+)-ATPase 1	8.00E-01	1.17	724	16	10	174126	208044	640723	541457	454800	413985	441745	287119	292994	332330	360100	373776
AT5G25260.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	8.00E-01	1.12	26	1	1	12494	4086	15203	11403	8921	8599	9310	8486	9044	11980	7131	8140
AT5G54870.1	unknown protein	8.00E-01	1.24	56	1	1	2987	3825	16221	12806	11939	11120	7459	12881	8983	6081	6392	5756
AT4G36250.1	ALDH3F1 - aldehyde dehydrogenase 3F1	8.01E-01	1.82	27	1	1	684	262	6969	2960	7861	4220	2135	2127	3031	2134	655	2503
AT1G06410.1	ATTPS7, TPS7, ATTPSA - trehalose-phosphatase/synthase 7	8.02E-01	1.08	205	7	5	41153	32264	72468	63493	76453	67118	53138	60586	41788	54241	59402	57071
AT1G22760.1	PAB3 - poly(A) binding protein 3	8.02E-01	1.70	24	1	1	1636	2763	24345	24710	7930	5281	8839	3373	4125	7106	8150	7568
AT4G31300.2;AT4G31300.1	PBA1 - N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	8.02E-01	1.10	40	1	1	9605	7253	24041	17235	16964	35726	32207	22179	12849	20111	5755	28390
AT1G72170.1	Domain of unknown function (DUF543)	8.04E-01	1.02	101	1	1	11986	8997	29159	17502	17749	20824	25370	24795	18193	15538	2937	21908
AT3G26935.1	DHHC-type zinc finger family protein	8.05E-01	1.78	74	2	2	27207	29621	8999	5870	5322	994	7215	7799	12652	5778	3648	6631
AT5G16820.1	HSF3, HSFA1B, ATHSFA1B, ATHSF3 - heat shock factor 3	8.06E-01	2.16	101	2	2	84607	44772	4560	6405	3511	7238	4910	15646	13126	20327	5260	10710
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	8.06E-01	1.02	193	5	5	83124	66255	43217	70587	37666	43577	40408	62495	57826	83599	52471	55172
AT3G19170.1	ATPREP1, ATZNMP, PREP1 - presequence protease 1	8.06E-01	1.01	59	2	2	30572	36197	33669	40444	48245	38778	48663	49748	26183	26500	35432	38804
AT2G41620.1	Nucleoporin interacting component (Nup93/Nic96-like) family protein	8.07E-01	1.23	46	2	2	21067	20367	1322	7070	3575	1561	8390	9597	3169	1780	11314	10521
AT4G33150.1	lysine-ketoglutarate reductase/saccharopine dehydrogenase bifunctional enzyme	8.08E-01	1.15	30	1	1	2764	5304	14723	23381	18953	17391	27361	1992	14996	11516	18792	20423
AT3G27740.1	CARA - carbamoyl phosphate synthetase A	8.08E-01	1.04	23	1	1	8079	5850	10642	14278	14075	11356	7033	14687	10704	11720	8170	14311
AT5G42310.1	Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein	8.09E-01	1.08	110	2	2	2670	1054	3183	5455	7689	6544	3379	6517	3123	4149	9973	1565
AT1G65960.2;AT1G65960.1;AT2G02000.1;AT3G	GAD2 - glutamate decarboxylase 2	8.09E-01	1.05	600	13	9	204291	228756	619786	677122	690405	566977	389667	477952	489823	495697	486612	493636
AT1G32160.1	Protein of unknown function (DUF760)	8.10E-01	1.02	180	4	4	113083	116153	238492	164094	160887	161993	220209	148638	141300	142103	137011	181968
AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family protein	8.10E-01	1.29	168	3	1	21452	30117	20307	12554	4857	10287	7163	9587	56688	31283	15721	8132
AT5G65960.1	GTP binding	8.10E-01	1.74	157	2	2	159175	127379	33874	51415	35648	32329	12312	46553	33736	67127	583707	21489
AT2G33210.1	HSP60-2 - heat shock protein 60-2	8.10E-01	1.21	84	2	1	8587	4787	8738	3966	3387	5858	12173	6732	4261	2608	3740	13183
AT4G21445.1	unknown protein	8.13E-01	1.01	177	3	3	149527	178690	107772	173877	132410	171672	165183	79698	214389	126400	186382	134676
AT1G18700.1;AT1G18700.4	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	8.14E-01	1.12	61	1	1	3431	7958	13704	7701	773	1939	1314	2271	16419	9106	7980	2846
AT1G68020.1	ATTPS6, TPS6 - UDP-Glycosyltransferase / trehalose-phosphatase family protein	8.14E-01	1.41	50	2	1	176540	178744	10240	15310	41758	20498	6756	25709	122168	105446	31350	22870
AT5G15280.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	8.15E-01	1.08	48	2	2	52997	35926	24714	22989	27213	3043	28784	17324	59985	42040	5908	25706
AT1G79020.1	Enhancer of polycomb-like transcription factor protein	8.15E-01	3.09	112	1	1	138	6111	0	198	287	660	13	96	1571	110	14	588
AT5G51430.1	EYE - conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	8.16E-01	1.16	222	2	2	12841	9117	25569	50677	56238	68721	38557	35668	28082	29338	37256	22993
AT1G49600.1	ATRBP47A, RBP47A - RNA-binding protein 47A	8.16E-01	1.00	119	2	2	42525	78882	63965	62501	47139	62335	27861	44525	58917	61913	77160	85878
AT5G19820.1	emb2734 - ARM repeat superfamily protein	8.17E-01	1.06	2753	47	45	2138583	2227747	5590101	5094456	6983568	7855495	5470484	4979081	4846091	3741427	5072063	4179708
AT2G04032.1	ZIP7 - zinc transporter 7 precursor	8.18E-01	1.33	26	1	1	35458	59768	39626	46483	34597	16364	113896	95795	29991	17540	29751	21785
AT2G45900.1	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminlytransferase subunit P-related	8.18E-01	1.13	21	1	1	6424	70541	45541	31833	26768	35959	23813	19672	71417	44168	24338	9468
AT3G53340.1	NF-YB10 - nuclear factor Y, subunit B10	8.18E-01	1.05	100	2	2	43229	41546	12569	13930	25563	40726	18180	18559	57212	43744	16212	15040
AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protein	8.19E-01	1.12	81	1	1	67532	65326	108461	172096	131634	205433	73489	126397	93874	132175	101149	140515
AT4G22010.1;AT1G41830.1;AT4G28090.1	sks4 - SKU5 similar 4	8.20E-01	1.05	160	4	4	98999	110058	161474	108473	160818	89482	191049	157051	83640	112965	110978	108886

AT5G09620.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	8.21E-01	1.16	733	10	9	2900033	2848036	954305	973398	834646	1212461	1106313	927738	2202767	1928833	1290404	938799
AT5G16210.1	HEAT repeat-containing protein	8.21E-01	1.12	21	1	1	7409	5834	8224	10353	13156	12067	7460	13038	4342	8135	16461	14475
AT5G52010.1	C2H2-like zinc finger protein	8.23E-01	1.01	28	1	1	6243	4325	3731	1545	2361	2463	3095	1970	3197	5066	3704	3443
AT3G52730.1	ubiquinol-cytochrome C reductase UQCRX/QCR9-like family protein	8.23E-01	1.06	73	2	2	322131	343272	299363	197493	229254	163523	247456	269170	244025	250378	254058	198619
AT1G54630.1	ACP3 - acyl carrier protein 3	8.23E-01	1.05	123	1	1	21464	12038	18638	15712	21363	34137	17979	14076	38826	23738	17724	17665
AT4G19006.1	Proteasome component (PCI) domain protein	8.23E-01	1.14	219	5	2	11284	8693	72641	39078	58195	49792	50238	34058	17473	40366	40106	28765
AT1G53500.1;AT1G63000.1;AT1G78570.1;AT3G	MUM4, RHM2, ATRHM2, ATMUM4 - NAD-dependent epimerase/dehydratase family protein	8.25E-01	1.16	437	6	6	65637	76452	215699	214178	214353	168916	125421	140163	115615	115606	147245	176225
AT3G08840.2;AT3G08840.1	D-alanine--D-alanine ligase family	8.27E-01	1.11	116	2	2	36123	43658	87421	69625	110686	83679	73777	78088	61553	55993	63169	55151
AT4G35260.1;AT2G17130.1;AT4G35650.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	8.27E-01	1.00	190	6	6	202626	181491	417914	349842	372417	284270	278161	371326	224248	321352	304734	309122
AT1G54420.1	unknown protein; Has 9 Blast hits to 7 proteins in 2 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; Plan	8.28E-01	1.01	21	1	1	11894	12230	19343	29066	29634	23239	11960	41209	12365	24366	23073	11472
AT1G77800.1	PHD finger family protein	8.30E-01	1.34	20	1	1	5066907	4569410	811774	1231804	1228449	1444874	1583163	1385144	2148868	2695233	1631559	1279997
AT5G64370.1	BETA-UP, PYD3 - beta-ureidopropionase	8.31E-01	1.01	47	1	1	58258	73227	155333	105104	110529	83773	90690	99304	81936	96605	110298	99405
AT1G22920.1;AT1G22920.2;AT1G71230.1	CSN5A, JAB1, AJH1 - COP9 signalosome 5A	8.31E-01	1.10	499	11	10	316674	390759	886522	729273	791122	613964	417879	633376	483184	662981	594707	605554
AT1G74560.3;AT1G74560.2	NRP1 - NAP1-related protein 1	8.33E-01	1.46	24	1	1	16354	16792	7917	8850	6065	15594	4966	7688	47459	28637	10108	5941
AT5G01810.3;AT5G01010.1	unknown protein	8.34E-01	1.07	101	2	2	27716	21712	103143	74955	91774	74415	45685	78978	51619	75537	67581	48393
AT1G12360.1	KEU - Sec1/munc18-like (SM) proteins superfamily	8.34E-01	1.09	30	1	1	42827	27097	19587	38294	29399	26721	19163	28900	45654	57609	21628	28403
AT1G52000.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	8.35E-01	1.07	29	1	1	27986	33398	11611	26709	14549	13762	2412	27986	28916	27631	23181	26331
AT3G63410.1	APG1, VTE3, IEP37, E37 - S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	8.37E-01	1.01	305	6	6	164298	158850	444576	367103	440147	443346	391859	355133	282263	194205	412272	355733
AT2G47030.1	VGDH1 - Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily	8.38E-01	1.41	23	1	1	14197	9935	49373	55860	104420	84381	48050	46421	25207	19351	45700	40481
AT5G46020.1	unknown protein	8.39E-01	1.30	81	2	2	398542	333407	58212	76037	49296	60577	141369	90064	136610	173543	142203	68292
AT5G52840.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	8.40E-01	1.05	162	4	4	232921	208627	134100	139196	159185	172327	177616	104978	226937	151176	224546	209103
AT2G47970.1	Nuclear pore localisation protein NPL4	8.40E-01	1.10	44	2	2	34480	38665	27902	56058	42799	42843	18791	59791	31072	49502	57499	49793
AT5G55530.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	8.41E-01	1.07	73	2	2	10233	8104	18682	10726	10313	32510	28820	16813	16469	12305	4668	18214
AT5G14990.1	unknown protein	8.42E-01	2.12	32	1	1	20718	16465	10990	4315	6731	84	2341	3277	7839	6835	1152	6534
AT1G32500.1	ATNAP6, NAP6 - non-intrinsic ABC protein 6	8.43E-01	1.01	63	1	1	7413	5841	15510	12552	16150	18343	17006	12100	6628	11201	13795	15782
AT4G39080.1;AT2G21410.1	VHA-A3 - vacuolar proton ATPase A3	8.44E-01	1.09	278	6	6	22914	24255	82134	107986	55440	75975	61835	64006	52741	39107	60566	58808
AT1G61010.1	CPSF73-I - cleavage and polyadenylation specificity factor 73-I	8.44E-01	1.21	64	2	2	5246	5451	19090	23369	25626	10645	21761	9969	8103	7519	14316	12280
AT4G05420.1;AT4G05420.2	DDB1A - damaged DNA binding protein 1A	8.44E-01	1.13	137	4	4	24542	35084	63718	73055	86922	75012	58021	62972	57641	36876	48476	53213
AT3G23990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	8.45E-01	1.00	139	4	2	29568	19870	41736	28602	31724	68095	21548	33649	32347	43033	39189	49138
AT5G52650.1;AT4G25740.1;AT4G25740.2	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein	8.46E-01	1.00	348	7	6	618157	528276	1250282	892184	1046971	613590	765811	1111979	743883	951599	657770	716559
AT1G55480.1	ZKT - protein containing PDZ domain, a K-box domain, and a TPR region	8.46E-01	1.10	72	2	2	9308	8310	30223	45444	36588	33790	15460	26253	31580	24819	19159	31734
AT5G41140.1;AT5G41140.2	Myosin heavy chain-related protein	8.47E-01	1.64	42	2	1	18048	22448	1612	4662	3519	3099	4783	7341	7164	5998	3980	3246
AT3G62330.1	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	8.47E-01	1.09	52	1	1	2645	10278	661	640	1193	906	2117	368	3074	5361	3532	573
AT4G08920.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	8.47E-01	1.03	632	13	12	585167	631042	460631	425310	482604	400376	441283	600137	479300	495440	465253	430511
AT5G47210.2	Hyaluronan / mRNA binding family	8.48E-01	1.18	21	1	1	35672	27184	14186	7696	7775	13784	11233	9241	22452	12810	22332	11952
AT3G63460.1;AT3G63460.2;AT3G63460.3	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	8.49E-01	1.10	1320	25	24	969311	957903	2111300	1855377	2450750	2156082	1785393	1526378	1433469	1538433	1652961	1576740
AT3G17830.1	Molecular chaperone Hsp40/DnaJ family protein	8.50E-01	5.85	20	1	1	112	116	0	0	72	355	0	0	76	26	3724	5
AT4G35100.1	PIP3, PIP3A, PIP2;7, SIMIP - plasma membrane intrinsic protein 3	8.52E-01	1.02	196	2	1	183451	168165	222458	187097	146600	236397	190286	224047	160069	165048	239763	145436
ATCG01090.1	NDHI - NADPH dehydrogenases	8.52E-01	1.06	59	1	1	23647	40421	104925	70140	74676	30883	53782	34845	47003	59160	70753	59063
AT5G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	8.52E-01	1.19	120	2	2	7545	11774	81987	73389	73537	42236	30609	83373	28799	28490	40570	33040
AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	8.53E-01	1.08	342	7	7	52544	72201	263357	170846	182697	161827	148437	167105	116809	137963	109535	155161
AT1G80490.1	TPR1 - TOPLESS-related 1	8.53E-01	1.10	795	21	1	14206	9997	51630	28513	36751	56173	36447	39201	27107	24146	21771	29871
AT5G63790.1;AT1G52880.1;AT3G04070.1	ANAC102, NAC102 - NAC domain containing protein 102	8.53E-01	1.39	84	2	2	20845	14142	7049	3770	8766	1185	4596	3119	7797	4313	12489	7944
AT4G33200.2	XI-I - myosin, putative	8.54E-01	1.56	23	1	1	2325	2388	2350	3671	0	3535	0	2508	1811	2048	1446	1318
AT3G15570.1	Phototropic-responsive NPH3 family protein	8.54E-01	1.52	50	2	2	9501	8223	3856	66562	9973	6988	13288	10702	12328	11471	8692	12566
AT1G67230.1	LINC1 - little nuclei1	8.55E-01	5.34	139	2	1	24326	29263	0	0	325	2231	771	2242	0	4038	3456	0
AT2G24680.2	transcriptional factor B3 family protein	8.55E-01	1.01	22	1	1	130470	124452	238461	156212	152091	108567	138347	151046	146857	156531	147055	160675
AT5G01400.1	ESP4 - HEAT repeat-containing protein	8.55E-01	1.06	64	1	1	10114	11089	1793	505	0	1096	7083	5854	3610	4896	0	1696
AT4G12830.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	8.55E-01	1.06	144	3	3	37791	41093	91263	64641	77696	90467	62203	68806	38170	48486	83859	77452
AT3G49470.1	NACA2 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	8.56E-01	1.79	199	3	2	1228260	1309812	48228	17785	60282	131565	106335	107208	661336	523746	82473	84217
AT5G55230.1;AT5G55230.2	ATMAP65-1, MAP65-1 - microtubule-associated proteins 65-1	8.58E-01	1.05	158	4	4	34256	52327	25768	48562	40755	31742	32947	38888	41376	36662	37254	35323
AT3G23660.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	8.58E-01	1.22	159	4	2	5759	16728	37320	73560	64195	64917	42897	32139	31118	21679	38566	49189
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase ii	8.59E-01	1.01	239	5	5	76218	69742	108490	118961	101796	87270	93766	109808	79593	88004	91712	102443
AT5G27560.1	Domain of unknown function (DUF1995)	8.59E-01	1.06	110	2	2	20528	20467	12716	7378	15515	17719	19618	13614	21816	22976	6877	15330
AT4G35230.1	BSK1 - BR-signaling kinase 1	8.59E-01	1.11	62	1	1	1128	902	3737	4313	7888	17960	7555	15148	4463	4101	298	8248
AT1G11360.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	8.60E-01	1.23	22	1	1	11174	9886	5318	1324	1510	1342	3188	4546	6985	7319	518	2190
AT1G49300.1;AT1G22740.1;AT1G43890.1	ATRAB7, ATRABG3E, RABG3E - RAB GTPase homolog G3E	8.60E-01	1.05	110	3	2	115474	96751	180710	186263	208229	123581	203244	144819	106577	125004	148315	140780
AT3G22520.1	unknown protein	8.61E-01	1.07	37	1	1	5178	8136	2499	3801	6042	4180	3981	3278	7022	3810	3845	6026
AT1G47380.1	Protein phosphatase 2C family protein	8.62E-01	1.03	23	1	1	5077	3083	16836	12581	15435	12438	10209	10494	5786	6653	18823	11671
AT5G28850.2;AT1G54450.1;AT5G28850.1	Calcium-binding EF-hand family protein	8.62E-01	1.10	572	13	10	180267	200723	397872	322184	520417	364394	280538	274697	345509	316996	298880	290399
AT2G25430.1	epsin N-terminal homology (ENTH) domain-containing protein / clathrin assembly protein-related	8.63E-01	1.43	137	3	2	1400	2074	17367	7210	13096	14370	10070	8615	7537	5255	2436	4877
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	8.64E-01	1.10	147	4	4	33250	49601	151655	160213	193321	191161	139504	159319	99626	64367	135197	110033
AT5G22510.1	INV-E, At-A/N-InvE - alkaline/neutral invertase	8.65E-01	1.04	636	12	11	213009	213937	522345	435191	566384	514499	399415	417464	418669	356078	370914	398406
AT3G56130.4	biotin/lipoyl attachment domain-containing protein	8.67E-01	1.47	23	1	1	1690	874	1617	698	1245	0	1821	1021	1347	2235	0	2575
AT1G08720.1	EDR1, ATEDR1 - Protein kinase superfamily protein	8.69E-01	1.10	25	1	1	2132	1907	5153	2742	3966	124	4233	2671	2821	3308	131	4505
AT5G54730.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	8.70E-01	1.06	143	4	2	14547	11966	19372	9327	11945	16179	17522	15815	11399	18638	7014	17789
AT1G79920.1;AT1G79930.1	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	8.70E-01	1.13	207	5	4	15504	13536	60188	63156	46683	40878	46243	58870	14095	27815	39923	25191
AT3G02530.1;AT5G16070.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	8.72E-01	1.04	191	5	5	37886	44755	129706	139622	135844	80000	144179	94368	61792	61476	104241	81292
AT5G06600.1;AT5G06600.3	UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	8.72E-01	1.07	1404	31	14	259051	242010	929430	733504	723277	568586	456026	640464	435908	466705	677735	557004
AT3G14900.1	unknown protein	8.72E-01	2.27	109	3	3	135832	130507	36706	25481	24571	30271	55048	40967	19598	21047	698935	35380
AT5G02870.1;AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family	8.73E-01	1.00	246	5	5	120967	90706	168909	115232	79364	90047	169148	153662	70538	108296	59207	106303
AT1G56560.1;AT3G05820.1;AT3G06500.1	Plant neutral invertase family protein	8.75E-01	1.12	282	6	5	56778	34037	118898	86482	96053	114903	76376	64285	84864	91324	63254	74574
AT4G39820.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.75E-01	1.11	21	1	1	1253	1351	6110	10523	10801	8523	12508	4256	4622	6369	5023	2021
AT5G27380.1	GSH2, GSHB - glutathione synthetase 2	8.79E-01	1.28	62	1	1	5725	4661	38857	31721	26679	21057	12740	20967	6286	14185	26037	19988
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	8.82E-01	1.09	806	14	10	335104	368023	697044	836498	829146	857517	703023	496937	632776	463943	717893	582493
AT2G42310.1;AT3G57785.1	unknown protein	8.82E-01	1.03	25	1	1	10185	7952	22771	10378	12819	16701	17385	14021	17838	9158	7088	17805
AT4G26270.1	PFK3 - phosphofructokinase 3	8.83E-01	1.05	66	2	1	73261	58650	69126	47698	57303	71061	68223	66641	89089	74058	19270	80207
AT5G59880.1;AT3G46000.1	ADF3 - actin depolymerizing factor 3	8.83E-01	1.10	96	2	2	33064	28441	98015	66441	67279	52315	53721	77359	42906	41300	42362	56874
AT1G74310.1	ATHSP101, HSP101, HOT1 - heat shock protein 101	8.83E-01	2.75	176	4	1	0	0	2622	2763	1249	544	0	291	554	254	1190	323
AT3G48590.1	HAPSA, ATHAP5A, NF-YC1 - nuclear factor Y, subunit C1	8.85E-01	1.06	371	6	5	94938	95831	203204	130289	122244	100055	117636	131562	106230	118277	122743	110709
AT3G26618.1;AT5G47880.1	ERF1-3 - eukaryotic release factor 1-3	8.85E-01	6.81	144	3	1	0	12489	0	305	321	0	431	0	282	1213	0	0
AT1G66080.1	unknown protein	8.86E-01	1.01	40	1	1	11028	8403	25729	21436	29398	11643	36775	16106	12311	14454	15000	13998
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	8.86E-01	1.05	300	5	5	72916	46379	191111	126053	148598	130774	86918	146595	94495	116440	122576	112515
AT1G66430.1	pfkB-like carbohydrate kinase family protein	8.87E-01	8.43	23	1	1	284	0	987	31	115	1	459	9	4	1	11476	0
AT1G01790.1	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	8.88E-01	1.02	171	5	3	136458	142305	87581	87477	105039	134814	123695	90857	129677	131390	133206	73307
AT1G79990.1	structural molecules	8.89E-01	1.09	300	8	2	34020	34523	41734	43118	89017	127113	48917	24874	102929	44374	70059	47543
AT3G11100.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	8.89E-01	1.05	71	1	1	82409	68872	27197	14461	17515	28872	21723	20232	29974	28692	136630	15136
AT4G23790.1	TBL24 - TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE 24	8.91E-01	1.02	26	1	1	89027	67946	55446	69844	71241	42649	79781	77507	46707	43700	60047	82438
AT5G02960.1;AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	8.91E-01	1.36	81	1	1	1908	37913	72225	61704	47266	21350	24094	40946	34854	16321	32914	28457
AT1G80870.1	Protein kinase superfamily protein	8.91E-01	1.62	32	1	1	399	1021	12857	30896	20312	10848	2944	3641	5548	14809	5122	15187
AT5G39320.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	8.92E-01	1.03	203	3	1	5965	6809	33945	25629	17898	24791	35843	16037	17671	9141	23115	9931
AT1G36730.1	Translation initiation factor IF2/IF5	8.92E-01	1.00	53	2	1	11375	9099	10569	4285	7307	715	480	3524	11835	8754	11732	6887
AT2G34080.1	Cysteine proteinases superfamily protein	8.93E-01	1.07	30	1	1	44227	57371	22129	42251	29002	44810	20093	30335	73700	78613	23655	29327
AT1G76110.1	HMG (high mobility group) box protein with ARID/BRIGHT DNA-binding domain	8.93E-01	2.13	21	1	1	15770	30684	214	3206	6133	2106	1944	1436	10947	5898	3943	3178
AT1G64550.1	ATGCN3, GCN3 - general control non-repressible 3	8.93E-01	1.02	278	5	5	184158	145374	190514	207804	180538	195034	171990	114028	207621	133940	263602	230957

AT3G02230.1;AT5G16510.1	RGP1, ATRGP1 - reversibly glycosylated polypeptide 1	8.93E-01	1.01	399	9	4	135925	135428	199887	330681	295130	298235	221670	286422	223043	136852	272149	238961
AT2G21870.1	MGP1 - copper ion binding;cobalt ion binding;zinc ion binding	8.94E-01	1.09	48	1	1	19863	21357	29539	22904	16580	30216	31229	27176	31924	26409	8944	26899
AT5G08080.1	SYP132, ATSYP132 - syntaxin of plants 132	8.95E-01	1.03	30	1	1	4544	4566	18183	17379	4298	11797	11243	8843	3109	17254	8447	9938
AT4G14540.1	NF-YB3 - nuclear factor Y, subunit B3	8.96E-01	1.00	620	10	5	313029	229932	168222	181367	205177	340946	181124	152271	431709	256569	221567	194743
AT1G26900.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	8.97E-01	3.21	23	1	1	2660	13761	3820	3235	2448	6929	1998	2040	3923	5524	90214	1647
AT3G46740.1	TOC75-III, MAR1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 75-III	8.97E-01	1.01	154	4	3	59502	62706	84362	109471	109543	105402	89722	75094	95836	99963	86691	78450
AT1G47830.1	SNARE-like superfamily protein	8.97E-01	1.01	55	2	2	15263	10358	8193	23416	13045	14121	20002	19855	7037	7725	14058	15250
AT5G47430.1	DWNN domain, a CCHC-type zinc finger	8.98E-01	1.88	79	2	2	24931	19692	3007	1410	435	5014	3905	4179	3864	9734	2683	4620
AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	8.99E-01	1.23	332	6	6	972187	945780	206673	246922	197387	265919	330574	390044	355791	414171	449962	366929
AT1G54220.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	9.00E-01	1.19	172	5	1	156356	146565	27411	56603	28004	46404	50271	91278	42314	70916	58205	74793
AT1G04750.2;AT2G33110.1;AT2G33120.1	VAMP7B, VAMP721, ATVAMP721, AT VAMP7B - vesicle-associated membrane protein 721	9.00E-01	1.26	241	3	3	6353	8282	50193	35583	47741	37796	14237	20093	19485	19299	145952	16140
AT2G38020.1	VCL1, MAN, EMB258 - vacuoleless1 (VCL1)	9.01E-01	1.39	49	1	1	1720	3430	1999	12147	14303	7785	6517	3889	3898	3066	6798	5708
AT5G62690.1	TUB2 - tubulin beta chain 2	9.02E-01	1.04	3485	58	6	1717521	1734871	4241651	3026212	3754125	4588833	3021482	2841941	3329922	2953017	3932099	2296939
AT5G57870.1;AT5G57870.2	eIFiso4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	9.03E-01	1.01	704	10	10	301866	292786	379826	386476	336620	341895	344341	355024	276804	365380	371267	341249
AT4G09720.3;AT4G09720.1;AT4G09720.4	ATRABG3A, RABG3A - RAB GTPase homolog G3A	9.03E-01	1.12	24	1	1	5179	4483	25408	16262	19567	11757	16452	12785	7452	16286	11843	9264
AT4G17060.1	FIP2 - FRIGIDA interacting protein 2	9.03E-01	2.64	73	2	2	62452	52960	1150	2008	5633	635	4138	5110	16656	15007	2613	3756
AT3G18210.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	9.04E-01	1.18	44	1	1	44836	22391	13426	10827	12761	24227	10859	14523	12806	15710	85147	12552
AT5G45620.1;AT5G45620.2	Proteasome component (PCI) domain protein	9.04E-01	1.03	251	5	2	121246	98227	280881	203535	264417	152619	309886	239991	124290	173460	131948	108573
AT1G03310.1	ATISA2, ISA2, DBE1, BE2 - debranching enzyme 1	9.05E-01	1.12	398	9	9	189716	212725	564110	414568	572886	514998	365488	282299	359293	400923	450093	355802
AT5G08640.1	FLS, ATFLS1, FLS1 - flavonol synthase 1	9.06E-01	1.58	21	1	1	342741	260451	1006723	394929	527011	509085	1461042	846638	984692	479634	25789	1003537
AT5G53480.1	ARM repeat superfamily protein	9.08E-01	1.19	1172	19	19	546052	547219	2016132	1844689	2209881	1986135	1755421	1067705	1189394	1018618	1433591	1220648
AT3G12520.1	SULTR4;2 - sulfate transporter 4;2	9.09E-01	1.01	21	1	1	147996	185581	131297	104867	103889	81280	187304	108368	121559	151071	72753	103762
AT3G58480.1;AT2G26190.1;AT3G13600.1	calmodulin-binding family protein	9.09E-01	5.37	56	2	1	229	0	12587	5862	13709	4603	598	701	137	600	1374	3482
AT5G45840.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	9.10E-01	1.07	20	1	1	10455	8858	4817	10637	15793	19441	9896	23063	3864	5198	11397	21725
AT3G56430.1	unknown protein	9.10E-01	1.12	80	3	3	47092	41406	13855	8902	12124	8652	27250	24191	12345	13909	9339	30814
AT3G60910.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	9.10E-01	1.02	45	1	1	15559	21943	85560	55696	78689	31037	19751	55828	24694	40751	90283	51093
AT1G31730.1	Adaptin family protein	9.13E-01	1.17	397	7	7	65477	64436	179429	213612	285687	204383	204671	150031	107673	118761	148819	133942
AT2G45810.1;AT3G61240.1	DEA(D/H)-box RNA helicase family protein	9.13E-01	1.11	84	2	2	12705	6536	28691	27037	32032	25125	30336	23651	10071	14001	23879	17484
AT5G14800.1	P5CR, AT-P5R, AT-P5C1, EMB2772 - pyrroline-5- carboxylate (P5C) reductase	9.13E-01	1.06	58	1	1	17322	16081	8063	16030	9255	5623	7888	10413	3601	10034	24380	20606
AT3G46830.1;AT1G01200.1;AT1G07410.1;AT1G	ATRAB11A, ATRABA2C, ATRAB-A2C, RAB-A2C, RABA2c - RAB GTPase homolog A2C	9.14E-01	1.13	242	6	1	17730	16141	28869	62870	45761	60983	41457	29707	34147	16549	34322	50040
AT5G15110.1	Pectate lyase family protein	9.16E-01	1.11	26	1	1	11871	1921	18442	6224	7912	5380	12210	11314	7045	4804	4269	7048
AT2G32800.1	AP4.3A - protein kinase family protein	9.17E-01	1.98	22	1	1	66	611	3419	2119	2726	0	0	1228	1768	721	451	338
AT1G75100.1	JAC1 - J-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	9.17E-01	1.06	364	6	6	432342	464809	169512	123666	175901	171852	196734	178471	334340	345764	223381	165966
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 - allene oxide synthase	9.17E-01	1.07	656	14	12	254882	308208	642261	580768	602895	572281	532986	508468	378492	437631	469012	430458
AT4G38225.3	unknown protein	9.18E-01	1.01	107	2	2	50665	48245	49531	48159	51677	46730	35702	52063	49053	60233	60212	40261
AT1G65290.1	mtACP2 - mitochondrial acyl carrier protein 2	9.19E-01	1.10	40	1	1	15898	7397	60356	23682	31299	37414	57712	42811	20937	20425	2708	48699
AT5G52190.1	Sugar isomerase (SIS) family protein	9.19E-01	1.01	55	1	1	67337	30514	89884	63531	74796	45886	100937	58093	40280	47106	56386	73106
AT3G54620.1;AT3G54620.3	ATBZIP25, BZO2H4, BZIP25 - basic leucine zipper 25	9.19E-01	2.02	52	1	1	2857	4087	1112	1566	2340	21	747	524	1248	819	1717	875
AT1G32970.1	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein	9.19E-01	1.09	22	1	1	8753	8440	11541	10165	19174	20257	11126	3973	18828	13336	18259	19969
AT1G19835.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	9.20E-01	1.27	73	1	1	568	2316	1777	6284	4285	2648	1612	3122	2297	1459	2591	3045
AT1G04400.1	CRY2, FHA, AT-PHH1, PHH1, ATCRY2 - cryptochrome 2	9.20E-01	1.07	26	1	1	105	3407	968	885	2461	2404	76	1437	1220	3862	573	3789
AT4G19710.2;AT4G19710.1	AK-HSDH II, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	9.21E-01	1.18	341	6	3	13898	10415	23748	32441	51529	46627	28515	20038	27224	17362	28745	29101
AT4G31420.1	Zinc finger protein 622	9.21E-01	1.01	28	1	1	4081	4704	766	3138	3515	3321	2496	1765	4973	4139	4891	1499
AT5G49910.1	CPHSC70-2EAT SHOCK PROTEIN 70-2, HSC70-7, cpHsc70-2 - chloroplast heat shock protein 70-2	9.22E-01	1.01	966	19	6	606802	492413	515363	394194	457600	351234	445162	358762	404721	477536	606454	488320
AT5G49960.1	unknown protein	9.22E-01	4.10	43	2	1	302761	175926	6545	3370	4800	8210	8479	5957	13004	4891	2007360	15009
AT3G63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	9.22E-01	1.01	271	5	5	133572	136261	124065	170526	161883	114460	108386	164343	117844	159334	160046	141129
AT5G18660.1	PCB2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.24E-01	1.01	92	3	3	159787	203232	110098	115830	119974	110167	184477	167663	108978	115370	112734	135239
AT1G55020.1	LOX1, ATLOX1 - lipoxygenase 1	9.26E-01	1.06	103	2	2	35834	37482	26798	36002	64099	96242	57492	46701	58457	39229	43776	33468
AT5G47200.1	ATRABD2B, ATRAB1A, RAB1A - RAB GTPase homolog 1A	9.27E-01	1.14	423	7	1	14784	22244	103355	48172	48820	82728	54296	43025	33324	34644	78352	37727
AT5G11490.1	adaptin family protein	9.28E-01	1.08	479	9	9	136175	161175	442095	301264	486723	325831	281741	239735	260429	326775	330125	276039
AT3G09840.1;AT3G53230.1;AT5G03340.1	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	9.29E-01	1.00	889	16	15	930531	838852	792649	957146	933603	944794	1028989	759808	876881	784209	1115107	838542
AT1G79010.1	Alpha-helical ferredoxin	9.29E-01	1.02	83	2	2	27510	30668	64058	29809	53388	28802	37018	24873	36384	50969	39859	40109
ATCG00340.1	PSAB - Photosystem I, PsaA/PsaB protein	9.29E-01	1.02	75	2	2	20494	15313	43756	26303	22718	32780	28450	36236	17397	23041	26060	27557
AT4G30580.1	ATS2, EMB1995, LPAT1 - Phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	9.30E-01	1.07	24	1	1	843	924	5181	2438	3690	3406	3270	2285	4647	2283	498	2468
AT1G72150.1	PATL1 - PATELLIN 1	9.33E-01	1.01	910	16	14	1982934	1792863	1110117	1234479	1038573	1345052	1205238	1598096	1471480	1699431	1162520	1295616
ATCG00190.1	RPOB - RNA polymerase subunit beta	9.34E-01	1.19	104	3	3	4635	5900	26266	20949	31944	30529	19147	13265	14485	14647	27985	11798
AT1G08200.1	AXS2 - UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	9.38E-01	1.34	36	1	1	356	625	2218	5124	4332	1329	1609	4069	1500	995	1509	782
AT5G61990.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	9.39E-01	1.03	57	2	1	7442	5145	25744	9017	10678	9877	16507	8455	13952	8195	4747	14203
AT2G34970.1	Trimeric LpxA-like enzyme	9.39E-01	1.06	53	2	1	30221	26662	6082	16071	23673	18462	11205	16975	23005	26374	17846	18955
AT1G32870.1	ANAC13, ANAC013, NAC13 - NAC domain protein 13	9.39E-01	1.07	43	2	1	34243	22527	76003	45029	55916	48399	55270	50816	39385	40776	39486	36808
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	9.39E-01	1.01	3919	61	12	2945364	2897603	4844369	4128150	4511333	3936785	5023946	4455948	2991436	4515130	3184833	3337993
AT4G19003.1	VPS25 - E2F/DP family winged-helix DNA-binding domain	9.40E-01	1.52	26	1	1	2563	629	11065	875	6837	3171	5275	2282	1821	1647	2955	2531
AT4G14510.1	ATCFM3B, CFM3B - CRM family member 3B	9.40E-01	1.18	51	2	1	14500	13452	8909	2459	9126	1450	9229	5431	22627	12099	625	8856
AT2G39130.1	Transmembrane amino acid transporter family protein	9.40E-01	1.45	53	1	1	717	9802	2224	147	2009	652	1443	828	4180	3080	919	295
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	9.41E-01	1.01	590	10	5	4229352	4110070	4027385	2934827	2975619	2680244	3395639	2399773	4568667	4881905	3576957	2353332
AT4G34790.1	ribosome-binding factor A family protein	9.43E-01	1.05	57	2	1	237883	277430	74003	66223	118769	126905	62949	98559	219956	258772	114083	104905
AT1G72840.2	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class)	9.43E-01	1.07	24	1	1	83834	105012	165001	160486	97866	196592	176986	117285	173623	106994	233054	55676
AT1G05690.1	BT3 - BTB and TAZ domain protein 3	9.43E-01	1.03	23	1	1	66951	64399	19779	74411	44421	63551	33971	30709	125424	72796	43265	38126
AT4G39330.1;AT4G39330.2	ATCAD9, CAD9 - cinnamyl alcohol dehydrogenase 9	9.45E-01	1.38	37	1	1	2457	0	2591	3082	2580	1209	4386	878	1779	3835	0	5545
AT2G41560.1	ACA4 - autoinhibited Ca(2+)-ATPase, isoform 4	9.45E-01	1.11	38	1	1	2935	1194	2895	2490	3751	7064	3965	2806	3383	1464	3840	2811
AT4G22485.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	9.48E-01	1.19	60	1	1	2793	15100	1441	4852	6272	2705	4426	3590	4992	8944	3568	2300
AT1G08250.1	ADT6 - arogenate dehydratase 6	9.49E-01	1.02	289	3	2	63671	57500	133260	160645	138399	142300	146567	92207	106165	64363	125731	145233
AT5G66420.2	unknown protein	9.52E-01	1.03	205	7	7	230366	172719	314511	280855	325114	419003	267540	311119	321411	301807	196795	285427
AT2G32700.1;AT2G32700.7	LUH - LEUNIG_homolog	9.53E-01	1.08	57	1	1	15190	3442	21743	13069	11518	26815	18642	17810	5082	7525	19265	16364
AT5G19770.1	TUA3 - tubulin alpha-3	9.54E-01	1.02	2419	39	7	1649141	1835839	3314347	2308464	2980956	2615428	2649792	2222816	2540193	2287650	2733686	2015879
AT5G51860.2	K-box region and MADS-box transcription factor family protein	9.54E-01	1.15	24	1	1	341204	292725	69259	156155	88265	113570	124258	168407	114125	172190	192114	151277
AT5G08440.2;AT5G08440.1	unknown protein	9.55E-01	1.43	47	1	1	16116	9359	1199	0	1141	2568	4490	1234	10236	4243	1041	0
AT4G17530.1;AT2G22290.1;AT3G09900.1;AT3G	RAB1C, ATRAB1C, ATRABD2C - RAB GTPase homolog 1C	9.55E-01	1.01	473	8	2	64717	53875	101653	95238	88188	118949	117449	108607	77550	81440	49320	94748
AT3G15190.1	chloroplast 30S ribosomal protein S20, putative	9.56E-01	1.20	37	1	1	1918	2097	862	735	1247	146	423	183	3532	1471	2388	389
AT2G17840.1	ERD7 - Senescence/dehydration-associated protein-related	9.56E-01	1.15	27	1	1	2942	2383	6882	2996	4199	1164	6371	3204	5321	3852	446	4444
AT3G48960.1	Ribosomal protein L13e family protein	9.58E-01	2.43	35	1	1	15974	12843	0	418	0	263	8743	546	1327	1524	0	0
AT1G72640.1;AT1G72640.2	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	9.59E-01	1.50	78	1	1	3014	7063	271	536	4460	2460	1052	909	2832	1874	1516	3687
AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	9.59E-01	1.01	120	2	2	45388	73383	49212	59823	54672	40322	43226	59998	54808	55869	40887	64225
AT1G50920.1	Nucleolar GTP-binding protein	9.59E-01	1.18	102	3	3	36836	29399	7388	6786	8986	8233	10689	5653	23671	16189	18003	8562
AT1G20200.1	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	9.59E-01	1.10	447	10	5	45779	46664	132254	163282	147545	126473	121555	121451	83284	78206	104641	92565
AT5G44020.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase	9.62E-01	1.18	46	1	1	6840	7092	17291	30021	29266	40527	29353	9636	22868	12438	18641	17931
AT1G61410.1	DNA double-strand break repair and VJ recombination XRCC4	9.62E-01	1.26	23	1	1	23205	25260	7309	5775	4471	4834	5962	5343	12396	13813	9193	9610
AT3G55250.1	unknown protein	9.63E-01	1.04	571	10	10	235683	203766	536598	451292	430415	366376	360751	476085	254308	262494	374264	405483
AT3G61470.1	LHCA2 - photosystem I light harvesting complex gene 2	9.63E-01	1.12	72	1	1	16984	16687	81622	98378	60050	76772	51774	17280	66924	45145	63836	67914
AT4G24550.2;AT4G24550.1	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	9.65E-01	1.03	241	6	6	120010	121399	165650	212830	259285	223712	204572	216493	147683	164424	157796	182752
AT3G08610.1	unknown protein; Has 40 Blast hits to 40 proteins in 15 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 0; Fungi - 0; I	9.65E-01	1.40	27	1	1	386	0	5709	6284	5238	8334	2716	4968	1269	3003	0	6616
AT2G01270.1	AtQSOX2, QSOX2 - quiescin-sulfhydryl oxidase 2	9.65E-01	1.64	23	1	1	4581	2333	10879	7139	7386	9837	10081	35314	11746	8275	733	2787
AT5G17410.1	Spc97 / Spc98 family of spindle pole body (SBP) component	9.66E-01	1.16	62	2	2	39579	43523	98427	48331	99772	174630	79569	75299	64035	55931	70556	88284
AT3G14100.1;AT1G17370.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	9.66E-01	1.02	342	5	1	43618	30973	38068	22739	26878	43987	25833	27857	31355	33412	63975	27372
AT5G66680.1	DGL1 - dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase 48kDa subunit family protein	9.67E-01	1.15	306	5	5	88314	90921	224051	346528	271041	356465	244338	192383	173886	134314	234179	218487

AT5G08450.1	unknown protein	9.68E-01	1.03	60	2	2	40995	21720	64101	73637	41261	43086	36975	33236	32260	26903	67350	97352
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	9.69E-01	1.00	198	3	3	464695	519284	328679	277190	316008	245728	313583	283166	562538	318878	336444	330483
AT3G05590.1	RPL18 - ribosomal protein L18	9.69E-01	1.15	45	1	1	53583	45307	18527	35123	11663	17739	22585	22460	30206	34055	28559	20630
AT1G02990.2	unknown protein	9.70E-01	17.17	28	1	1	0	0	62	0	0	12229	5	70	0	0	641	0
AT1G79730.1	ELF7 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	9.70E-01	1.28	32	1	1	10467	7205	1681	1399	1491	1469	2314	1185	5340	2596	4640	2434
AT3G47810.1	MAG1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	9.71E-01	1.00	207	4	4	163853	155024	128271	143872	161665	217131	140036	154475	197898	162427	144078	167542
AT2G03340.1	WRKY3 - WRKY DNA-binding protein 3	9.71E-01	2.36	91	1	1	37981	32582	2388	112	0	5268	1295	2762	17092	10409	1630	0
AT3G57700.1	Protein kinase superfamily protein	9.71E-01	1.11	25	1	1	10094	7975	9481	3817	8106	507	4047	3590	13051	7171	1479	6737
AT1G11910.1;AT1G62290.1	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	9.75E-01	1.01	1643	24	24	14055937	15418311	20180672	15932770	20389173	15343466	17811822	15482512	20382664	20632132	15586178	12300576
AT2G23380.1	CLF, ICU1, SDG1, SET1 - SET domain-containing protein	9.76E-01	1.16	31	1	1	7813	5785	23273	9251	11086	691	15787	10204	16992	9978	167	13942
AT5G22650.2;AT5G22650.1	HD2B, HDT02, HDT2, ATHD2B, HDA4, HD2 - histone deacetylase 2B	9.80E-01	1.06	29	1	1	38319	44651	5064	21539	13023	16066	20807	9853	51746	22206	14856	11876
AT1G48980.4	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	9.80E-01	1.23	29	1	1	1893	1446	7971	12377	6255	2908	4440	4923	2187	7126	4729	3231
AT1G31800.1	CYP97A3, LUT5 - cytochrome P450, family 97, subfamily A, polypeptide 3	9.82E-01	1.16	213	6	5	24188	15460	45656	78583	88027	56332	54321	33877	46037	40871	37968	52721
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	9.82E-01	1.06	633	11	11	296661	278817	533702	546271	637561	828309	559217	501147	557543	463781	422849	426300
AT2G37040.1	PAL1, ATPAL1 - PHE ammonia lyase 1	9.83E-01	5.63	52	2	1	7127	14361	701	1104	1012	0	218	1391	356	697	657	994
AT2G41090.1	Calcium-binding EF-hand family protein	9.85E-01	1.42	27	1	1	631	3006	1339	1221	1467	384	1976	1502	3296	2396	30	2246
AT2G35720.1	OWL1 - DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	9.86E-01	1.18	27	1	1	7759	5737	17852	12641	37281	27881	9717	15898	23582	12057	15889	15502
AT1G15740.1	Leucine-rich repeat family protein	9.86E-01	1.14	48	2	2	3239	3830	17065	24337	7466	9941	8205	14706	3632	9265	6362	15463
AT1G78310.1	VQ motif-containing protein	9.86E-01	7.25	25	1	1	88376	96990	0	3	2471	2360	0	1962	8758	13016	1973	524
AT2G45590.1	Protein kinase superfamily protein	9.86E-01	1.13	25	1	1	10512	6579	27361	23928	23525	37158	14837	27288	15685	13084	25604	18032
AT3G11130.1	Clathrin, heavy chain	9.88E-01	1.12	4871	76	20	831842	766689	1804268	1803085	2770065	2624422	1406029	1754985	1670994	1667552	1516803	1415896
AT4G11010.1;AT4G23895.3	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	9.90E-01	1.18	64	2	2	10067	11041	8757	43621	13660	7674	11413	20866	9028	9013	14189	15844
AT4G33240.1	FAB1A - 1-phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinases;zinc ion binding;1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kin	9.91E-01	1.77	20	1	1	7838	4328	4076	1945	4885	30	3074	1767	3434	2742	562	1473
AT5G03420.1	5'-AMP-activated protein kinase-related	9.92E-01	1.11	59	2	1	4489	2926	8619	4118	6421	5835	6776	6356	5614	5425	1250	10435
AT2G25730.1	unknown protein; Has 157 Blast hits to 144 proteins in 62 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 101; Fungi	9.93E-01	1.03	45	2	1	102838	149532	65061	102549	89272	83275	98744	96997	92008	109305	84610	92987
AT5G28030.1	DES1 - L-cysteine desulfhydrase 1	9.94E-01	1.12	23	1	1	9562	8229	9635	7347	11072	12013	13454	6520	19889	9929	11059	3916
AT1G23180.1	ARM repeat superfamily protein	9.94E-01	1.08	205	4	4	86324	64996	103944	189705	203057	191274	146111	118839	150611	88521	125232	146802
AT3G19570.1	SCO3, QWRF1 - Family of unknown function (DUF566)	9.95E-01	1.24	22	1	1	10965	8782	48608	32104	33910	91811	25323	24757	34432	19781	18914	58835
AT5G15070.1	Phosphoglycerate mutase-like family protein	9.96E-01	1.17	141	3	1	14490	729	6342	13661	11273	11788	2074	10803	4322	9425	11203	12082
AT5G58270.1	STA1, ATATM3, ATM3 - ABC transporter of the mitochondrion 3	9.97E-01	1.39	26	1	1	2143	1879	7293	15231	12743	18006	7186	6249	7800	7156	7139	5677
AT1G60140.1	ATTPS10, TPS10 - trehalose phosphate synthase	9.98E-01	1.02	48	2	1	605987	469682	3879882	825165	1329554	1681685	3009650	1639813	1292736	824995	191124	2008672
AT1G41880.1;AT1G07070.1	Ribosomal protein L35Ae family protein	9.98E-01	1.01	47	1	1	5990	4300	11101	4617	9635	9223	9603	4033	11624	5477	6272	7561
AT5G13280.1	AK-LYS1, AK1, AK - aspartate kinase 1	9.99E-01	1.00	186	5	4	7173	14087	27098	35323	31117	33184	57921	17480	19831	12298	19272	21055
AT5G58430.1	ATEXO70B1, EXO70B1 - exocyst subunit exo70 family protein B1	9.99E-01	1.12	22	1	1	53286	39729	13696	11666	12877	23122	20070	13543	24947	21705	40132	17099
AT4G34940.1	ARO1 - armadillo repeat only 1	1.00E+00	1.10	21	1	1	93162	71103	246449	141606	148494	267828	291936	240779	138163	141866	30580	217989

Tabelle B17

Proteine aus den Phosphoroproteinanreicherungen von Col-0 DD/ KR und *mok3* nach 4h DEX (α-value=0.05: Max fold change=2.0)

								Normalized abundance													
								mpk3 DD					Col-0 DD					Col-0 KR				
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest in	Lowest in	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT1G79730.1	ELF7 - hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0	Infinity	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	15861	14300	29984	26070	31446	20263	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT5G52200.2	phosphoprotein phosphatase inhibitors	0	Infinity	84	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	1534	2899	6129	6500	2254	4426	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT1G10200.1	WLIM1 - GATA type zinc finger transcription factor family protein	0	Infinity	42	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	4875	6397	10021	13109	18498	14650	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT3G07780.1	ATMS2, MS2 - methionine synthase 2	0	Infinity	419	7	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	0	0	0	0	8082	4063	8935	6569	12560	16084	20535	16687	16980	14222	17521	11527
AT1G62780.1	unknown protein	1.11E-16	11.34	386	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	128123	135401	109932	102424	106524	125472	1398051	1221077	1306219	1158164	1477867	1468562	1351305	1105087	1499116	1421896	1282426
AT5G14670.1,AT1G	ATAIFA18, AIFA18 - ADP-ribosylation factor A1B	1.11E-15	6.53	660	9	8	Col-0 DD	mpk3 DD	708073	720311	522287	506959	635267	598422	4320326	3814632	4098374	3853683	4012171	4017139	4100597	3850495	3849387	3657243	3502554
AT4G23650.1	CDPK6, CPK3 - calcium-dependent protein kinase 6	4.55E-15	Infinity	45	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	0	0	0	0	0	1921	1945	9270	7470	9018	8968	7213	7278	7970	6537	6611
AT3G55280.1	RPL23AB - ribosomal protein L23AB	3.18E-14	5.63	592	8	8	mpk3 DD	Col-0 DD	3227766	3114358	7816389	6620782	5990156	4463891	94029	79669	88637	124674	107290	88291	122139	115902	112743	108746	131234
AT5G54810.1,ATG	TSB1, TRP8, TBP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	5.28E-14	4.60	401	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	175342	158586	149032	161238	190440	167665	687673	578051	670206	639383	778694	792605	799287	741695	652765	752203	825372
AT1G14160.1	plastid development protein DAG, putative	6.00E-14	17.20	54	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	14372	11449	8803	8016	7871	7762	219226	166742	157744	150575	157906	150277	157161	124968	120942	149707	151321
AT3G61260.1	Remorin family protein	6.02E-14	17.31	188	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	78565	50874	72726	59888	66123	34843	960678	1084629	1186799	1172022	963721	914868	1005566	1102003	913221	962907	824899
AT5G55130.1	CNX5, SIR1 - co-factor for nitrate, reductase and xanthine dehydrogenase 5	8.77E-14	Infinity	63	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	0	0	0	374	245	765	977	2443	1612	696	1014	1548	1435	1635	1240	
AT1G72170.1,ATG	P40, AP40, RP40, RPSAA - 40s ribosomal protein SA	1.07E-13	4.04	312	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	369194	365353	301804	284176	340445	324291	1215059	1321425	1467726	1281168	1433376	1298817	1129877	1214478	1284429	1158357	960252
AT5G53000.1	TAP46 - 2A phosphatase associated protein of 46 kD	1.07E-13	5.71	301	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	362992	362197	431671	391313	295594	348457	71986	58973	76125	54909	65812	71172	66999	56055	54064	63941	70865
AT5G47870.1	unknown protein	1.36E-13	9.87	52	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	26876	29490	21541	24559	27133	40574	293930	263123	263823	248948	266878	203465	324856	322165	285381	244734	271084
AT1G09130.1,ATG	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein	1.71E-13	5.61	630	9	9	Col-0 DD	mpk3 DD	387727	400180	397670	418429	571461	500465	2421455	2374776	2755688	2162014	2529831	2876053	2281857	2475580	2681331	2903793	2091109
AT1G05410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.48E-13	2.96	1976	29	20	Col-0 DD	mpk3 DD	2547007	2418483	2679174	2413091	2663757	2847363	7861437	6969551	9245697	7310847	7420366	7294290	8409001	7828280	7128171	7157118	6910295
AT4G20810.1	60S acidic ribosomal protein family	2.94E-13	25.62	548	7	6	Col-0 DD	mpk3 DD	453840	561643	511271	589617	514923	608877	19878903	17092075	16314939	11804515	8274826	9637968	10724153	11520554	11300858	11478180	7679829
AT1G01790.1,ATG	KEA1, ATKEA1 - K+ efflux antiporter 1	2.99E-13	9.25	252	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	22783	27614	24623	27057	37509	37278	227703	272497	341063	271124	263510	259376	277386	277326	296777	281822	242774
AT4G02930.1	GTP binding elongation factor Tu family protein	3.50E-13	5.31	695	9	8	Col-0 KR	mpk3 DD	363351	358289	261304	263563	381247	373779	1446584	1315237	1445535	1209140	1282709	1562478	1670837	1645364	1838435	1835900	1716417
AT1G49760.1	PABB, PABP8 - poly(A) binding protein 8	3.73E-13	5.68	164	3	2	Col-0 DD	mpk3 DD	13759	15123	19045	16553	14558	18733	91748	106831	90233	100385	78550	87985	65967	76602	93080	74122	97211
AT5G37510.1,ATG	EMB1467, CI76 - NADH-ubiquinone oxidoreductase mitochondrial, mitochondrial, putative	3.80E-13	6.02	60	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	44911	41881	62780	53671	54135	62168	301922	301197	330391	290215	343188	355263	283224	273723	272734	237105	217910
AT1G79040.1	PSBR - photosystem II subunit R	4.23E-13	12.29	118	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	81281	102847	56152	62616	61525	84072	687237	601339	1080377	783282	885991	817083	1056887	926024	815616	761705	1005242
AT4G01310.1	Ribosomal L5P family protein	4.30E-13	9.97	201	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	21170	18541	13721	15692	18912	26969	139279	142709	196528	172991	166305	207030	182349	202891	213026	205366	156711
AT5G66190.1,ATG	ATLFNR1, FNR1 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 1	4.84E-13	5.75	616	10	10	Col-0 DD	mpk3 DD	3530045	3521893	2558329	256709	251844	375923	4036313	1678858	1387340	1711940	1523886	1822016	1778813	1986373	1869262	2017073	1883637
AT1G04910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	6.20E-13	10.54	155	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	11184	8858	9154	11911	13292	14977	146839	130254	119622	143863	121758	111380	104622	112758	104622	114759	104258
AT5G38410.1,ATG	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	6.67E-13	6.45	271	5	2	Col-0 KR	mpk3 DD	507181	574685	399896	442499	665194	592600	3277615	2865441	3391582	2770828	3491195	3794617	4184007	3515677	3504906	3212083	3219174
AT2G22780.1	PMDH1 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1	7.40E-13	8.42	411	6	5	Col-0 DD	mpk3 DD	101980	125428	161053	163649	143187	155604	941760	854490	1195075	966882	1193183	1401729	1119193	1133789	1391906	1273155	1290386
AT2G17360.1,ATG	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	7.67E-13	17.47	85	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	4404	5806	6987	3817	8784	7384	102870	117319	144534	74903	95883	115747	113921	91353	96334	90935	87878
AT1G76080.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	8.53E-13	4.13	158	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	88959	100211	85966	97909	98060	91747	328185	297059	401731	348436	466693	430762	435898	388603	384736	383581	389482
AT1G64510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	9.37E-13	6.26	53	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	90998	82425	95839	90276	125538	112908	577063	579010	712681	552995	581386	572364	718863	579216	556094	489381	812398
AT3G09360.1	Ribosomal protein S12/S23 family protein	9.78E-13	6.44	78	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	13170	14959	15535	15603	9356	19240	94458	89729	81890	82270	88245	106047	91007	89471	105442	94486	94713
AT4G04120.1	GAPC, GAPC-1, GAPC1 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C subunit 1	1.12E-12	9.76	1269	16	2	Col-0 KR	mpk3 DD	75457	93278	66985	61719	44581	70692	577437	487946	610784	392479	505124	320501	375286	649234	586821	610595	822328
AT5G26000.1	TGG1, BGLU38 - thioglucoside glucohydrolase 1	1.20E-12	13.31	262	4	3	Col-0 KR	mpk3 DD	13719	10938	5902	12112	13155	11100	131069	111066	158562	116628	108420	134369	127724	121316	174234	145087	159987
AT5G60840.1	unknown protein: Has 361 Blast hits to 333 proteins in 92 species: Archae - 2: Bacteria - 55: Metazoa - 145: I	1.36E-12	17.87	40	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5285	5187	6536	4400	9763	7167	124688	131056	126174	121449	84671	96891	127194	110393	106669	102027	67248
AT1G22920.1,ATG	CSN5A, JAB1, AIH1, CSN9 - signalosome 5A	1.59E-12	4.67	452	5	4	Col-0 DD	mpk3 DD	167974	157838	113478	125863	169540	152642	620553	547976	673332	574100	740196	798654	762831	678582	687037	726081	650310
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	1.61E-12	9.18	107	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	22606	19549	23105	17048	12914	17055	167364	213502	173127	130077	126225	142624	133412	167240	192647	183553	187544
AT2G47730.1	ATGSTF8, ATGSTF5, GSTF6, GSTF8 - glutathione S-transferase phi 8	1.64E-12	4.45	316	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	179411	180198	143243	143810	136101	186975	732612	584411	796296	599504	859609	741642	773681	728722	640098	675621	700729
AT1G74690.1	IQD31 - IQ-domain 31	1.68E-12	4.35	188	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	506339	500667	473145	449687	568416	465388	162757	193382	184576	253730	186846	211580	185795	114461	113317	105097	109929
AT2G30170.1,ATG2	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	1.80E-12	3.54	597	8	8	Col-0 DD	mpk3 DD	486543	513301	381770	406003	479795	499089	1437456	1497618	1917490	1396419	1715316	1843802	1558834	1579388	1719205	1622394	1555199
AT1G64750.1,ATG	ATDSS1(), DSS1(0) - deletion of SUV3 suppressor 1(l)	1.88E-12	22.47	282	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	196877	216993	227098	234124	145266	250622	6984858	4964730	6238758	4295036	3306212	2764324	4977660	4368541	4096281	4970822	3337335
AT5G24300.1	SS1, SSI, ATSS1 - Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein	1.90E-12	5.60	648	8	8	Col-0 KR	mpk3 DD	2765520	3153859	2681367	3049627	3894033	3034527	443925	446317	502489	622581	533188	436217	505008	516092	562955	556569	509723
AT4G37925.1	NDH-M - subunit NDH-M of NAD(P)H-plastoquinone dehydrogenase complex	2.31E-12	11.31	161	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	64468	80433	45978	41324	38924	79313	870065	682520	642891	579919	595052	592969	716751	588330	576672	646453	643043
AT4G38970.1,ATG2	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	2.42E-12	5.00	1226	17	10	Col-0 DD	mpk3 DD	3211787	3640314	2468225	2690522	3829548	4110405	14304528	13008425	17347051	14653925	15698601	16797021	18495942	15255389	17029769	17194481	16296862
AT1G13440.1,ATG	GAPC-2, GAPC2 - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase C2	2.43E-12	6.43	1159	15	1	Col-0 KR	mpk3 DD	186925	185808	199377	168033	217000	276950	1137523	911126	1052650	768783	1030408	1082170	1520507	1225593	1131789	1214314	1620375
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC), alpha subunit family protein	2.45E-12	12.80	423	5	3	Col-0 DD	mpk3 DD	72540	81921	82681	79134	109583	80272	943669	1382468	1069554	1030613	567274	685168	1133338	908275	1159591	924964	1286821
AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	2.53E-12	9.04	762	11	3	Col-0 KR	mpk3 DD	33869	38070	31533	22082	35043	36927	212983	215356	424901	274820	305236	309545	335087	296464	296702	282170	304393
AT3G18240.1,ATG	Ribosomal protein S24/S35, mitochondrial	2.57E-12	4.82	258	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	156910	192039	197331	203075	192542	214756	1210336	1129563	879265	750150	837852	770780	886557	935127	785432	882878	877819
AT1G54760.2	dentin sialophosphoprotein-related	2.60E-12	27.80	726	9	1	Col-0 DD	mpk3 DD	12596	12512	8505	10267	11074	8976	181838	441908	321401	242293	191631	189486	294486	225669	210514	267666	157675
AT1G12900.1,ATG	GAPA-2 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit 2	2.90E-12	8.07	866	13	6	mpk3 DD	Col-0 KR	1554258	1429182	1469221	1385006	1025304	1122296	210829	168941	202177	106272	140999	174076	180195	142383	177145	171106	175314
AT3G11630.1,ATG	Thioredoxin superfamily protein	3.06E-12	3.12	395	6	5	Col-0 DD	mpk3 DD	496373	503063	408765	367370	410437	492652	1194152	1200838	1297606	1152502	1301298	1413363	1327310	1412227	1562919	1511959	1270202
AT4G26060.1,ATG	emb2726 - elongation factor Ts family protein	3.13E-12	5.52	1066	15	15	Col-0 DD	mpk3 DD	491850	539067	586070	536015	742451	795098	3078917	3160567	3053034	3253073	2411745	2488679	3136359	3009742	4113320	3289316	3375413
AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta family protein	3.15E-12	4.97	1859	23	20	Col-0 KR	mpk3 DD	1848131	1870329	1867410	1987981	2456300	2872934	7873257	7431009	9581980	8261830	8957688	9229968	10092925	9534847	10161476	9959321	12513361
AT4G16155.1,ATG	dihydrolipoyl dehydrogenases	3.47E-12	20.98	118	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	22041	17489	12208	15567	23898	34743	532474	518462	465119	380988	359526	242708	464976	413861	491149	462615	396732
AT4G10750.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase (PEPC) family protein	3.05E-12	8.19	133	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	18584	21097	15513	17562	23441	12930	186514	181574	142155	121726	115642	117266	113016	154529	173808	153571	118171
AT5G16010.1	3-oxo-5-alpha-steroid 4-dehydrogenase family protein	5.14E-12	13.01	128	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	32732	24619	24608	24336	47473	39147	3337	2797	2258	2578	2847	2275	1665	2215	2099	2718	3223
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	5.25E-12	13.36	273	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	31404	38635	19348	49497	42175	36014	619557	533068	601915	388662	377823	366901	499467	451840	465652	460027	587184
AT1G54030.1	MVP1 - GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	5.78E-12	8.82	237	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	24706	25281	29877	30136	45575	36820	190191	145128	225705	168749	246997	242091	241695	280941	268974	274605	308070
AT4G20850.1	TPP2 - tripeptidyl peptidase ii	9.18E-12	7.82	113	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	10273	8944	10770	6680	10877	8690	71697	57303	67840	74659	82257	85976	88555	73169	82101	70212	44489
AT3G58500.1,ATG2	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	9.46E-12	5.27	179	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	60471	48923	42035	37037	43383	33162	237189	241200	266435	234454	191775	195688	257285	270407	240947	227904	209214
AT4G15560.1,ATG	CA1, ATBCA1, SAH9, ATBETA - carbonic anhydrase 1	9.97E-12	4.72	1999	21	9	Col-0 KR	mpk3 DD	3840710	3937977	2531284	2387176	3104871	3156024	12913464	11356145	13155319	12661821	16595875	16804827	15247282	14493557	15004064	15041071	14268874
AT1G11910.1,ATG	APA1, ATAPA1 - aspartic proteinase A1	1.09E-11	3.03	1452	18	18	Col-0 KR	mpk3 DD	10166722	11431812	9097825	9329183	9373467	11444142	32185661	27008433	33084997	25469025	27538175	26638890	35747902	33752268	27386690	29426229	28465362
AT1G44970.1	CLPR1, NCLPP5, SVR2 - CLP protease proteolytic subunit 1	1.11E-11	5.85	187	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	34054	45780	42824	55447	44426	49997	169990	190923	243562	195646	238658	306603	295152	268806	227523	278903	244966
AT5G19815.1	Chaperonin-like RbcX protein	1.13E-11	3.88	90	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	36415	41529	34361	34905	45653	51339	142116	121933	176485	127069	158517	138186	165075	157109	143956	148653	158305
AT4G38130.1,ATG	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 - histone deacetylase 1	1.20E-11	14.70	168	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	13171	14439	21168	18485	15583	16134	254473	182229	250755	303752	141814	178209	287255	204059	213877	181113	162526
AT3G51890.1	Clathrin light chain protein	1.25E-11	5.79	399	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	273214	270955	290597	273924	312678	278444	1983750	2021700	1799935	1603668	1132005	1305992	1706234	1623001	1746593	1628334	1239253
AT3G60750.2	Transketolase	1.29E-11	12.74	946	14	2	mpk3 DD	Col-0 DD	499522	645082	407539	479481	292758	443946	29040	28781	49490	27553	47471	34934	35394	30128	27857	35465	41584
AT4G13300.2,ATG	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.40E-11	12.06	716	10	9	mpk3 DD	Col-0 DD	673633	665006	442636	423699	569777	516854	56885	60553	35971	58026	28691	34420	45087	53917	65334	56728	46834
AT3G02090.2	MPPBETA - Insulinase (Peptidase family M16) protein	1.50E-11	4.04	893	12	12	Col-0 KR	mpk3 DD	434312	428384	479702	459328	596624	653046	1716736	1555059	2153309	1582238	1741198	1717292	1836707	1999072	2054729	1902389	2171502
AT2G04940.1,ATG	RBCL - ribulose-bisphosphate carboxylase	1.56E-11	2.78	1770	24	24	Col-0 DD	mpk3 DD	21884178	21042116	22502183	22423448	26882598	28401258	55183381	53456934	69829718	56122319	55065578	53497202	70504713	62507457	68847952	62599618	70700380
AT1G17720.2	SSS - starch synthase 3	1.62E-11	3.91	606	11	11	Col-0 DD	mpk3 DD	312721	383258	342873	323692	411136	414872	1203097	1012637	1684023	1259313	1448324	1592115	1545364	1310455	1330616	1382587	1424849
AT4G35850.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	1.78E-11	5.82	188	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	179676	141559	183815	141459	126501	142861	30669	22043	41929	34058	32611	33633	31012	26884	26886	26037	26289
AT5G19890.1	Peroxidase superfamily protein	1.79E-11	13.71	43	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	36356	36684	18059	18340	39054	42965	324005	295895	412644	395964	507344	542540	412418	448204	435477	449639	442718
AT4G26560.1	P172, PLA IIA, PLA2A - phospholipase A 2A	1.92E-11	4.16	624	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	217160	244659	152429	185440	159313	218993	674361	657656	787829	589481	722324	740783	902413	698957	782693	819289	766172
AT3G27080.1	TOM20-3 - translocase of outer membrane 20 kDa subunit 3	2.28E-11	3655.82	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	0	14	0	0	0	10	12831	13402	14031	13399	12996	13872	13205	16572	16329	14177	10444
AT3G52200.2	LTA3 - Dihydrolipoamide acetyltransferase, long-form protein	2.31E-11	4.04	540	8	8	Col-0 KR	mpk3 DD	411432	472855	327807	333220	408195	406791	1430290	1524686	2296609	1513618	1081276	1227368	1807397	1548864	1751091	1728237	1296335
AT4G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	2.32E-11	5.10	182	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	100419	120147	64059	82712	74450	68922	372750	397236	442276	397278	479188	480152	468321	458847	381051	474488	421291
AT4G16130.1	ARA1, SA1, ATSA1 - ARM repeat superfamily protein	2.40E-11	17.36	63	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	117494	116406	107995	88933	91204	106123	3047	7982	5127	8614	5615	5794	3986	8119	4627	6520	7094
AT5G01410.1	PDX1, ATPDX1.3, RSI4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	2.67E-11	4.90	1053	14	6	Col-0 KR	mpk3 DD	856059	857403	824773	793619	1095955	1142418	2903265	3766812	3732696	4453559	4375318	4072360	4244997	5001367	4434298	5104526	3385080
AT2G29630.1	PY, THIC - thiamin-C	2.78E-11	4.68	455	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	401958	418348	371783	305760	234402	358612	1429269	1289906	1766353	1632844	1870926	1619336	1746048	1848619	1505625	1638779	1483685
AT5G10450.1	GRF6, AFT1, 14-3-3lambda - G-box regulating factor 6	2.80E-11	13.28	516	8	3	mpk3 DD	Col-0 DD	845105	844278	836272	694200	1001613	683368	51845	58011	32146	56775	82090	88439	50931	70116	62604	86783	50503
AT3G23810.1	SAHH2, ATSAHH2 - S-adenosyl-l-homocysteine (SAH) hydrolase 2	2.87E-11	3.23	1676	22	10	mpk3 DD	Col-0 KR	5701802	5224743	5197398	5619156	4525006	5323194	17354091	16676668	17933447	17099151	23220559	24735100	16039002	16619788	16389828	17417301	14802330
AT5G45010.1,ATG	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	2.88E-11	7.77	262	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	55408	68500	48003	59128	47877	68371	303689	255095	590501	388941	448892	470544	444216	407227	457745	393582	523249
AT1G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	2.89E-11	2.80	996	17	17	Col-0 DD	mpk3 DD	1599334	1646188	1812632	1808255	2331926	2361991	9326574	8659220	9335227	8682316	9197352	9157547	9552428	9497501	9153548	9486724	9188763
AT2G03390.1,ATG2	uvrB/uvrC motif-containing protein	3.11E-11	2.69	504	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	736549	607224	734455	781393	773355	824698	1874542	1874804	2345918	1905137	2133749	1870195	2141804	1912487	2080019	2115646	1602869
AT2G36250.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	3.13E-11	4.68	990	11	5	Col-0 KR	mpk3 DD	186255	179154	149165	176477	213303	196573	535860	582522	874310	781334	885302	926998	796397	831283	935861	907240	846278
AT2G22300.1,ATG	PSAH2, PSAH-2, PS-H - photosystem I subunit H2	3.54E-11	17.05	55	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	13358	9743	7583	4788	4913	5086	91395	86703	120202	101242	164691	168847	143590	150073	119641	110176	122829
AT1G43170.1,ATG	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	3.95E-11	6.25	141	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	20064	18881	24431	23326	41271	19999	141177	120766	161469	141821	150051	137361	156762	145614	134272	135904	200111
AT1G20020.2	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	4.40E-11	4.81	397	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	237928	275330	159432	189305	276871	252069	809191	705240	877830	875023	1065070	980647	1111073	1195821	1201884	1113832	1092121
AT2G31660.1	SAD2, UBM9 - ARM repeat superfamily protein	4.43E-11	4.43	243	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	418031	501786	386710	413199	354331	403849	99854	71144	78337	113453	104161	94068	91649	89775	101847	120217	93414
AT4G04330.1	Chaperonin-like RbcX protein	4.93E-11	2.91	209	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	132573	133385	143354	129172	111060	139038	322471	243053	448971	369809	357857	415644	370524	418718	429225	395314	377176
AT1G74970.1	RPS9, TWN3

Tabelle1

ATAG13010.1:ATG	AtGLDP1, GLDP1 - glycine decarboxylase P-protein 1	1.36E-10	3.99	262	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	45844	51679	59656	44506	42003	45211	143795	161102	239269	173137	132340	147339	193505	197829	205104	178385	213010	163782
AT3G62030.2	ROC4 - rotamase CYP 4	1.36E-10	2.59	312	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	407974	297085	396962	323780	436818	436087	920807	949489	1126336	897430	963707	922232	1043307	1000786	992830	888343	997353	1039868
AT3G46430.1	unknown protein	1.41E-10	6.88	48	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	18338	12234	16671	9081	12080	11830	94283	63469	86578	80986	113193	113787	113911	85314	69903	73727	81133	73649
AT5G23140.1	CLPP2, NCLPP7 - nuclear-encoded CLP protease P7	1.60E-10	5.38	103	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	17330	16559	19527	19535	17386	29446	74640	73056	97754	83876	125063	123680	123976	96986	103469	102725	100174	116772
AT5G09610.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	1.60E-10	4.88	557	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	1103160	1150253	1363885	1460344	1132364	1328546	7827018	7887525	6480617	5655146	4137479	4606443	5155739	5722612	5676880	5732493	4303663	4764462
AT5G49510.1	PFD3 - prefoldin 3	1.61E-10	13.69	178	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	8043	10648	7746	8051	7817	9682	57074	65824	84364	97441	149904	154894	93191	142954	129869	148162	74833	122621
AT5G66570.1	PSBO-1, OEE1, OEE33, OE33, PSBO1, MSP-1 - PS II oxygen-evolving complex 1	1.61E-10	4.55	141	3	1	Col-0 DD	mpk3 DD	111578	115847	67746	66900	97922	117196	521439	430262	434163	350440	439298	451562	381989	367634	398804	408172	415740	482142
AT1G78900.1	VHA-A - vacuolar ATP synthase subunit A	1.69E-10	3.34	2338	31	31	Col-0 DD	mpk3 DD	5196721	5443012	3690454	3827541	4193221	4835154	12383128	12156785	16678218	14242195	17950803	17507086	15059630	15567997	15105984	15747174	14186674	13405154
AT5G05520.2	trigger factor type chaperone family protein	1.69E-10	21.26	66	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5328	6519	2076	3590	6886	7251	92314	103026	64158	112984	155589	144715	99865	124753	115299	97629	73700	152224
AT1G47420.1	SDH5 - succinate dehydrogenase 5	1.69E-10	3.91	242	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	78370	59030	53989	45701	48699	76756	230813	218325	201585	188656	213478	180818	192085	226425	258048	251722	252873	234591
AT1G10840.1:ATG	TIF3H1 - translation initiation factor 3 subunit H1	1.83E-10	3.99	365	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	82278	71522	76123	66355	129714	100143	353819	289036	389135	345670	400180	353185	333301	354581	330409	328353	379448	321907
AT2G32060.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	1.83E-10	4.38	152	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	80726	98623	79748	84954	79214	70746	412652	457946	458655	282171	297643	253774	299728	316284	319315	318387	295659	317576
AT5G10360.1:ATG	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	1.85E-10	3.35	376	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	396431	363911	566039	474427	526945	598103	1838358	1641981	1937433	1442660	1503025	1375403	1785427	1688380	1634940	1665585	1473744	1544592
AT5G13630.1:ATG	GUN5, CCH, CHLH, CHLI1, ABAR - maenesium-chelatase subunit chlH. chlorcolast. outative / Me-erotoosrohv	1.90E-10	3.77	254	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	40242	48690	45349	32288	47725	51820	130437	132715	160609	111183	172778	152906	193701	153099	190091	185472	162557	152391
AT5G40810.1:ATG	Cytochrome C1 family	1.91E-10	4.76	165	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	38845	49245	27492	37334	39512	56351	178367	151833	244752	192072	232398	183806	185358	187918	167213	173268	153889	184343
AT2G21660.1	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	1.97E-10	6.49	108	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	15287	13008	12613	9154	11032	8016	84587	57156	71239	45079	51883	46633	63063	68879	73214	85500	87220	70700
AT1G01960.1	EDA10 - SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	2.04E-10	7.54	366	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	413248	443088	370068	355095	355231	308823	45746	94606	66723	34406	63476	68931	57824	41631	49955	51018	54217	42012
AT1G12990.1	PRPL11 - plastid ribosomal protein l11	2.11E-10	11.51	90	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	4315	5163	10485	7833	15442	11582	93792	123161	83461	107883	93583	87132	100555	121453	108066	101323	112601	
AT1G61250.1	SC1 - secretory carrier 3	2.11E-10	6.84	74	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	11148	15419	10363	10746	9811	13889	54082	55385	101018	71285	100982	105647	94177	76221	77739	58307	86298	80738
AT3G02540.1:ATG	RAD23-3, RAD23-C - Rad23 UV excision repair protein family	2.14E-10	6.39	111	2	1	Col-0 KR	mpk3 DD	9496	11010	8479	9543	17597	9970	55645	63905	65279	66707	43725	55610	67237	79103	79287	71296	79501	45694
AT2G18110.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	2.26E-10	20.16	208	3	1	Col-0 KR	mpk3 DD	3494	2557	2176	6366	2468	3999	66777	84656	79863	44311	69939	47132	36590	65542	95248	101442	77493	48192
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.29E-10	6.40	182	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	27079	24948	29603	21510	14861	16394	94881	87522	154404	104451	120266	133104	121771	135681	131729	164556	141700	164638
AT1G59830.1:ATG	PP2A-1 - protein phosphatase 2A-2	2.32E-10	3.35	278	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	143877	178574	144382	152564	130536	146206	551995	425054	628085	429489	521599	444969	510505	446002	456970	414108	346082	373162
AT5G23110.1	CDR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-responsive protein	2.37E-10	7.27	3800	49	49	Col-0 DD	mpk3 DD	1414024	1432544	1955929	1873257	1788998?	1769485	16805713	16570367	17737606	12057752	7986488?	8493231	11368174	11318072	9846707	9606354	8501928	7253446
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	2.38E-10	27.00	110	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	1953	1544	1881	651	3406	1088	50056	68900	42218	57994	27365	37551	52058	48047	50946	60424	33094	30739
AT3G09200.1:ATG	Ribosomal protein L10 family protein	2.39E-10	3.64	1192	16	8	Col-0 DD	mpk3 DD	4388953	4275549	4253954	3410422	4409915	4942120	19844612	19339534	16197948	13334371	12861615	11855180	16642196	13326856	13446846	15371165	14776205	15321828
AT5G20630.1	GLP1, GLP1A, GLP1B, ATGER3, ATGER3 - germin 3	2.43E-10	3.52	346	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	337849	417504	402453	449463	488070	513025	1355920	1320889	1559142	1418244	1457077	1991288	1500727	1402373	1558896	1573757	1825769	1322367
AT1G20200.1:ATG	EMB2719, HAP15 - PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	2.45E-10	2.62	364	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD	678815	678887	523362	539959	637660	574934	1577048	1728097	1793660	1496137	1497198	1427407	1468523	1404530	1782598	1533018	1227835	1326637
AT5G39570.1	unknown protein	2.50E-10	5.25	1053	13	13	Col-0 DD	mpk3 DD	4151496	3915045	3991769	3495906	5292596	4261949	24464196	30819835	22653591	23559297	13631588	16601341	24394960	20490085	24732627	19562847	21947909	18549204
AT5G09610.1	Octapeptide Dnal-domain superfamily protein	2.56E-10	6.00	97	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	60873	61185	49633	45171	58391	74914	508203	461979	313693	364183	324277	266224	318488	353538	362596	323265	278396	313943
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	2.60E-10	47.99	1414	19	5	mpk3 DD	Col-0 KR	507469	541133	1183194	1088178	1062290	806990	41200	56140	11015	16082	13951	18257	17387	10816	19784	23291	19768	17083
AT3G63490.1:ATG	Ribosomal protein L1p/L10e family	2.61E-10	4.24	246	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	71606	69449	71065	85211	78872	119215	266390	295522	362220	246582	339541	309034	331184	291491	320566	330635	365962	455468
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, TOC90, ppi4 - chloroplast biogenesis 1.1	2.75E-10	6.03	2848	32	31	Col-0 DD	mpk3 DD	7879203	7829828	9253426	8968099	7934990	8492724	37000916	34668804	34195177	30962218	34035077	28784452	29721451	32637836	31856989	37717290	41113935	31285134
AT4G34490.2:ATG	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	2.76E-10	2.54	331	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	251334	246273	229001	239494	261801	267999	546203	506402	710969	625494	682553	722761	578646	639030	619349	605237	481170	525656
AT5G28500.1:ATG	unknown protein	4.13E-10	4.58	1001	13	13	Col-0 DD	mpk3 DD	944517	937459	1522542	1323996	977680	1031674	6882155	6113893	5281778	4016361	4503041	4074921	5477798	5085322	5252403	5647426	4380394	4032204
AT1G02260.1	BIG, DOC1, TIR1, UMB1, ASA1, LPR1, CRM1 - auxin transport protein (BIG)	4.30E-10	9.21	205	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	132514	120061	68320	59682	83845	57615	10918	9259	12494	11408	13426	10559	11144	9114	12672	9232	6170	8033
AT5G40770.1:ATG	ATPHB3, PHB3 - prohibitin 3	4.33E-10	6.22	223	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	65309	51268	34716	55297	60863	62331	188938	187519	339573	278007	323442	317505	312953	319087	309305	310942	409999	389264
AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protein	4.37E-10	12.91	49	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	7772	6926	5966	5802	8775	4680	29135	28501	62238	67944	78367	47500	69323	93824	72052	88658	94255	97124
AT4G23670.1	Polykelitide cyclase-like and lipid transport superfamily protein	4.45E-10	14.79	81	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2100	2280	4717	6572	2314	1467	44098	37484	55935	43792	47884	37477	46812	40394	41503	38846	63808	41911
AT4G14030.1	SIB1 - selenium-binding protein 1	4.63E-10	14.90	55	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	3038	2458	4621	1931	1079	1903	32121	34973	40589	34857	45824	35676	29794	33340	25881	26819	16251	19758
AT2G16950.1:ATG	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	4.64E-10	6.05	629	10	10	mpk3 DD	Col-0 KR	1944750	2163763	1528260	1602206	1111968	1177367	277563	279644	243628	249563	339809	314940	195236	258120	403389	236156	221970	259840
AT5G19990.1:ATG	RPT6A, ATSUG1 - regulatory particle triple-A ATPase 6A	4.84E-10	2.94	454	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	273733	285864	301048	281122	385484	407042	867510	672057	706173	751597	835564	881096	863875	870352	944313	1077354	978043	953284
AT3G14067.1	Subtilase family protein	5.03E-10	4.04	344	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	186447	187821	281318	259683	295357	335615	906197	839414	1105464	758365	870735	816062	998827	920285	1151599	1102507	1162022	916713
AT1G32160.1	Protein of unknown function (DUF760)	5.08E-10	8.80	108	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	10033	17453	15820	7309	12950	19779	77517	130331	124502	112077	117940	85426	111408	121042	124716	171248	92429	112419
AT5G54770.1	TH1, TZ, TH4 - thiazole biosynthetic enzyme, chloroplast (ARA6) (TH1) (TH4)	5.13E-10	2.93	792	10	10	Col-0 KR	mpk3 DD	1718019	1546851	1741676	1476576	2091923	2052906	3750569	4378801	4392991	4051166	3946098	3297449	4129199	5064954	5155323	5159803	5904320	5317304
AT1G22530.1	PAT12 - PATELIN 2	5.15E-10	2.12	452	8	8	Col-0 KR	mpk3 DD	157998	124060	161458	138431	177135	170969	296115	318709	331857	291345	287230	314244	310936	324829	372721	320293	322156	319646
AT5G28540.1:ATG	BIP1 - heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	5.43E-10	3.65	602	10	9	Col-0 DD	mpk3 DD	1011173	886599	988835	1002929	836102	914645	4419284	4255575	3834114	2904539	2733759	2448543	3132170	3265012	3434486	3039657	2746697	2890452
AT5G17770.1	ATCBR, CBR1, CBR - NADH:cytochrome B5 reductase 1	5.45E-10	5.94	71	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	30116	28556	23714	16732	32291	47125	175497	141438	198843	163013	177856	203300	185618	170619	129044	171052	154244	139134
AT5G16260.1	ELF9 - RNA binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	5.47E-10	4.20	263	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	186515	174651	160493	177497	146102	150596	408596	373148	362282	550890	474257	608176	557254	481026	574865	547416	485223	513042
AT4G16720.1	Ribosomal protein L23/L15e family protein	5.49E-10	3.87	151	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	114164	123907	115848	122605	190757	168673	669152	540284	651971	427454	554544	467950	401978	403084	417322	408438	388418	466078
AT3G09840.1:ATG	CDC48, ATCDC48, CDC48A - cell division cycle 48	5.53E-10	3.76	427	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	207171	173732	291564	252997	272817	318536	1041848	1014606	1037985	787547	737949	723725	1002300	911349	955150	938189	990054	908488
AT4G01310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	5.54E-10	9.97	144	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	393770	442098	346112	318223	209404	241603	41890	56310	42455	35448	38893	35842	33585	31845	32583	29183	21626	
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	5.57E-10	3.55	527	9	5	Col-0 DD	mpk3 DD	335520	377272	239140	240408	242768	347658	988509	860643	970297	1056084	1253792	1194965	1128948	1186277	897657	901366	958107	1001242
AT1G34010.1	OHP2 - one-helix protein 2	5.60E-10	9.92	118	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	6713	6369	4544	5010	10281	4003	44061	48843	40593	54433	67465	86806	54532	68957	67799	83536	42756	48752
AT5G14740.2:ATG	CA2, CA1B, BETA-CAC2 - carbonic anhydrase 2	5.67E-10	3.35	2369	24	12	Col-0 KR	mpk3 DD	1726489	1733824	1819406	1779299	2679203	2399950	5243141	4907128	6418522	5780256	6727710	7548105	6019613	6569554	6762381	6375243	7834526	6544608
AT1G02780.1	emb2386 - Ribosomal protein L19e family protein	5.77E-10	6.89	155	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	17953	10207	12759	18860	17722	13963	134742	112201	122494	105743	76020	78727	83755	92278	101002	98117	58740	63848
AT1G51980.2:ATG18	Insulinase (Peptidase family M16) protein	5.92E-10	3.93	415	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	347773	414610	273169	276140	370489	391811	1079061	985660	1312179	1196851	1564681	1742087	1482398	1437990	1280995	1483768	1086108	1375261
AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein	5.96E-10	3.58	132	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	66193	86097	46396	55357	69862	63386	283604	212828	269333	205399	204754	209664	183546	174538	163840	183308	189398	168130
AT5G54480.1	ARM repeat superfamily protein	6.32E-10	4.14	789	12	11	mpk3 DD	Col-0 KR	1941620	1997671	1355931	1437159	1407568	1566705	342011	357031	437509	432033	628809	545585	415336	433602	409973	384983	358249	345198
AT5G17070.1	unknown protein	6.38E-10	12.45	43	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3357	5700	1551	2960	2879	7018	64769	41977	49828	40865	50454	44189	46790	44610	45786	35890	37416	42865
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta 9 chain	6.98E-10	10.10	1262	18	4	mpk3 DD	Col-0 KR	1169739	1108027	1503505	1248153	1360977	1010209	94695	105216	106218	173512	152688	142046	84367	57306	135400	136551	208531	110367
AT5G45010.1	ATSS1/VLI, DSS1/V - DSS1 homolog on chromosome V	7.08E-10	14.81	271	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	384418	489072	610085	690810	337195	478884	1129376	928934	752286	629930	477032	512993	397114	6190662	6756557	8070560	3093115	3767504
AT2G28000.1	CPN60A, CH-CPN60A, SLP - chaperonin-60alpha	7.09E-10	2.39	2329	31	31	Col-0 KR	mpk3 DD	4970531	4957513	5176312	5407605	6836451	7094702	11407551	11155512	13329345	11325277	12288391	12743243	12752592	12636288	14516150	14848846	13898874	13780822
AT4G14160.1:ATG	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.47E-10	4.97	315	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	601066	585163	383486	426195	353231	457636	127850	75212	112266	92777	132872	117544	97663	111605	92396	103149	69794	90656
AT1G29150.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF2296)	7.79E-10	9.27	506	8	1	Col-0 DD	mpk3 DD	24629	13652	15714	12314	25405	31775	210662	254798	236663	154108	142629	115150	104016	174272	199154	200577	182927	221827
AT3G05590.1:ATG	RPL18 - ribosomal protein L18	8.02E-10	10.26	55	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5103	5451	5482	5015	5473	5465	79169	88233	57904	54570	54532	47558	72975	72250	53778	35741		
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone Grpf family protein	8.17E-10	15.71	204	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	16666	17640	13800	9416	45208	24627	369941	443588	374147	362335	205465	245197	249381	309611	327766	339801	292744	211417
AT5G19900.1	PIR-interacting factor, putative	8.22E-10	106.69	93	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2138	1696	2365	640	1957	296	242213	206446	227295	129955	65946	98111	138849	113087	126504	134863	78407	53629
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	8.64E-10	3.40	252	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	130758	162440	112971	135887	175161	172325	544610	587010	576735	419932	451813	448470	512842	432752	399129	448155	537972	369114
AT4G31490.1:ATG	Coatomer, beta subunit	8.74E-10	2.77	506	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	1031775	1077675	832372	848833	955507	875375	387399	406299	358277	411566	324847	456030	402479	324635	395400	337927	281716	287593
AT5G40140.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	8.80E-10	6.35	306	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	88681	85728	54920	57153	53614	83080	323137	328855	443819	380647	395543	423301	380562	424426	385502	342491	308686	295613
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.83E-10	3.18	422	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	4970531	4957513	5176312	5407605	6836451	7094702	11407551	11155512	13329345	11325277	12288391	12743243	12752592	12636288	14516150	14848846	13898874	13780822
AT4G14160.1:ATG	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.47E-10	4.97	315	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	601066	585163	383486	426195	353231	457636	127850	75212	112266	92777	132872	117544	97663	111605	92396	103149	69794	90656
AT1G29150.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF2296)	7.79E-10	9.27	506	8	1	Col-0 DD	mpk3 DD	24629	13652	15714	12314	25405	31775	210662	254798	236663	154108	142629	115150	104016	174272	199154	200577	182927	221827
AT3G05590.1:ATG	RPL18 - ribosomal protein L18	8.02E-10	10.26	55	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5103	5451	5482	5015	5473	5465	79169	88233	57904	54570	54532	47558	72975	72250	53778	35741		
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone Grpf family protein	8.17E-10	15.71	204	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	16666	17640	13800	9416	45208	24627	369941	443588	374147	362335	205465	245197	249381	309611	327766	339801	292744	211417
AT5G19900.1	PIR-interacting factor, putative	8.22E-10	106.69	93	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2138	1696	2365	640	1957	296	242213	206446	227295	129955	65946	98111	138849	113087	126504	134863	78407	53629
AT1G22780.1	PFL, RPS18A, PFL1 - Ribosomal protein S13/S18 family	8.64E-10	3.40	252	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	130758	162440	112971	135887	175161	172325	544610	587010	576735	419932	451813	448470	512842	432752	399129	448155	537972	369114
AT4G31490.1:ATG	Coatomer, beta subunit	8.74E-10	2.77	506	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	1031775	1077675	832372	848833	955507	875375	387399	406299	358277	411566	324847	456030	402479	324635	395400	337927	281716	287593
AT5G40140.1	PHT3;1 - phosphate transporter 3;1	8.80E-10	6.35	306	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	88681	85728	54920	57153	53614	83080	323137	328855	443819	380647	395543	423301	380562	424426	385502	342491	308686	295613
AT2G20360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	8.83E-10	3.18	422	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	4970531	4957513	5176312	5407605	6836451	7094702	11407551	11155512	13329345	11325277	12288391	12743243	12752592	12636288	14516150	14848846	13898874	13780822
AT4G14160.1:ATG	Sec23/Sec24 protein transport family protein	7.47E-10	4.97	315	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	601066	585163	383486	426195	353231	457636	127850	75212	112266	92777	132872	117544	97663	111605	92396	103149	69794	90656
AT4G03160.1:ATG	SAP domain-containing protein	8.97E-10	25.17	419	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	6166	5811	3826	3712	3400	3574	154706	161056	128713	114501	58697	49020	77457	71517	93983	82610	46477	36152
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S - binding factor of TOM36 kDa IA (long form)	9.23E-10	4.44	63	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	50295	36768	31337	38248	66210	60743	196103	166503	226492	182852	192788	172110	174410	194702	215895	217702	232669	202707
AT1G03630.1	POR C, PORC - protochlorophyllide oxidoreductase C	9.26E-10	2.92	404	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	237753	229798	260995	225524	346226	347413	776885	694561	1010778	732605	791019	810260	767395	777026	720431	726674	850066	792851
AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	9.36E-10	31.62	54	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	55966	57714	43128	38696	39244	37036	1404	2868	993	1019	1170	1143	4131	1175	1887	3799	966	1121
AT2G21130.1:ATG	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	9.38E-10	2.87	1083	15	8	Col-0 KR	mpk3 DD	3452349	3326389	3050121	2673457	4421549	4012130	7943626	7695292	9283211	8302803	8777857	10210887	11345864	9572113	9889818	9184448	11080426	9017748
AT3G47650.1	Dna/Hsp40 cysteine-rich domain superfamily protein	9.40E-10	3.64	151	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	94671	92349	63664	62014	60809	63351	294002	315498	262709	214924	217924	259084	251875	283923	276503	288232	196320	208409
AT3G52230.1	unknown protein	9.47E-10	4.27	115	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	401803	416219	372753	318259	332918	285583	1593585	974775	1719438	1571315	1342298	1583264	1478811	1865677	1790857	1549616	1040477	1362893
AT4G38610.1:ATG	KAK, UPL3 - HEAT repeat /HECT-domain (ubiquitin-transferase)	9.55E-10	10.22	140	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	254427	231067	275075	249148	195040	197315	42146	48825	19857	20239	21681	25179	14150	18115	27858	32186	19095	25795
AT1G51690.1:ATG	ATB ALPHA, B ALPHA, B - protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B alpha isoform	9.97E-10	10.10	140	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	9797	6684	7853	4375	13117	5707	66331	69515	106105	84491	100597	53165	53142	59982	83413	82939	56699	96609
AT1G19670.1	ATCLH1, COR3, ATHCOR1, CLH1 - chlorophyllase 1	1.01E-09	4.42	257	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	314931	338544	209818	265993	312026	398611	1296341	1217551	1692811	1350191

AT5G58290.1	PPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	2.23E-09	2.35	561	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	624659	642014	579281	700675	667663	871211	1391756	1273166	1674786	1320333	1532180	1764954	1432148	1669032	1523269	1678375	1663401	1645571
AT4G27430.1	CIP7 - COP1-interacting protein 7	2.23E-09	5.21	183	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	19314	18979	29981	28462	37104	21931	154708	145205	146910	148356	100204	116322	125636	129352	178217	121518	96435	92494
AT1G54780.1	TLP18.3 - thylakoid lumen 18.3 kDa protein	2.27E-09	10.03	63	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5203	3639	4156	1861	5690	5382	45361	31743	62785	28362	36729	29686	31548	33414	53681	45704	51826	43840
AT5G15490.1	ATG9	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	2.36E-09	3.04	222	4	2	mpk3 DD	Col-0 KR	118149	106200	87668	83458	88796	90699	28751	30532	39633	31214	36540	24289	27622	33409	32190	24586	39662	31457
AT3G01140.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	2.38E-09	5.65	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	30749	29160	55165	55214	46212	55927	232249	178039	263965	287695	294934	284963	313256	285532	259726	267152	225933	160807
AT4G35260.1	ATG	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	2.41E-09	12.05	128	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	8381	9990	3138	6357	5989	9314	63781	54862	73745	76483	135787	115558	64812	78986	114968	88167	61445	58945
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	2.42E-09	3.38	305	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	149226	158140	145844	173260	110106	133611	516889	386746	639850	425045	503292	488591	342426	480957	565962	529495	562917	454578
AT3G63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	2.45E-09	2.36	482	8	8	Col-0 KR	mpk3 DD	304537	275085	359207	309979	445236	362521	765715	711332	883121	803208	803285	699890	910858	807828	762133	754568	868097	744096
AT1G55670.1	PSAG - photosystem I subunit G	2.45E-09	5.68	40	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	8276	6058	4874	7278	5922	12462	36992	34759	39860	32127	59370	51650	41466	37684	32196	33565	39289	33496
AT1G79340.1	ATMC4	MC4 - metacaspase 4	2.46E-09	4.19	355	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	163843	174929	160431	170883	140193	173236	624712	845063	808392	433307	531621	658581	663665	846034	709454	828667	471077	606595
AT2G25670.1	unknown protein	2.60E-09	8.61	248	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	30241	24998	36761	17779	24672	20740	297066	229288	223539	178213	125757	109801	205960	179202	167817	197395	137921	104839
AT5G10470.1	ATKC1	KC1 - kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1	2.67E-09	3.65	576	9	7	Col-0 DD	mpk3 DD	138951	156041	149330	190004	132519	225413	466335	488111	717244	630493	614477	709685	421854	551763	543908	498426	421842	447173
AT1G47250.1	ATKS	PAF2 - 20S proteasome alpha subunit F2	2.69E-09	4.96	116	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	11423	9150	14083	20410	19775	22393	74071	62086	86371	67157	71086	69302	69399	88159	82006	67611	89066	86212
AT1G57720.1	ANNAT1, CHYD, ATCHYD - annexin 1	2.71E-09	5.28	300	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	129687	91357	58954	54529	135725	101091	430106	437321	493412	455641	514045	435549	625858	565213	453970	459735	460707	452724
AT1G54410.1	dehydrin family protein	2.79E-09	9.76	119	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	52904	49801	71161	62496	69400	57708	669013	783909	686158	740162	338596	328661	678848	520368	767516	738097	376568	338293
AT4G37930.1	ATSHM1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	2.82E-09	4.49	284	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	59602	51498	62864	49298	73169	68922	227513	274366	381536	281991	157249	189551	275921	274325	238187	277324	313834	260347
AT3G02200.1	ATG8F	Proteasome component (PC) domain protein	2.88E-09	11.44	42	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	6144	8500	3547	3150	2282	5579	46944	34668	58437	49478	65739	78669	64120	60002	54028	45578	41771	34115
AT4G21280.1	PSBO, PSRQA, PSBO1 - photosystem II subunit QA	2.92E-09	5.01	64	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	33863	36444	29243	26126	66120	54333	180407	201660	194541	183309	170504	193873	154845	193289	258929	215748	218211	193129
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.93E-09	7.55	139	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	233839	225387	117618	90946	243316	219397	1066442	1506391	1372944	1348160	1402676	1838361	1275386	1411474	1618371	1289621	1166705	856793
AT4G13650.1	ADL2, DRP3A - dynamin-related protein 3A	2.94E-09	10.98	234	3	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2650	6396	4016	3879	7291	6962	40412	47743	51536	56725	71518	74607	49777	60159	60280	64264	24285	44920
ATMG00070.1	NAD9 - NADH dehydrogenase subunit 9	2.95E-09	5.39	106	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	27658	27029	31614	18547	54464	31022	132957	111941	175993	147199	220515	187482	211087	177074	146016	133980	180375	146028
AT1G16460.2	ATRDH2, ATMST2, MST2, ST2, STR2, RDH2 - rhodanese homologue 2	2.97E-09	7.23	46	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	7240	9883	3423	3964	3407	5291	34258	26079	43913	37155	45922	47201	40964	44587	46842	38674	37500	31445
AT1G11860.1	Glycine cleavage T-protein family	2.98E-09	130.76	52	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	32	1180	404	118	621	609	58877	81747	66240	60048	45875	74107	55794	69492	72449	70193	63220	56446
AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	3.03E-09	4.24	222	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	319451	287810	215192	183976	239150	220352	1384208	1289747	1039428	966471	761173	780304	932267	958791	928197	825695	719603	767040
AT1G56070.1	ATG5	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	3.10E-09	2.06	729	12	12	mpk3 DD	Col-0 DD	2253883	2456906	2066553	2018409	2258813	2736336	1003605	967676	1086305	1051001	1335722	1265997	1208467	1205112	1113514	1097766	1074768	1142774
AT5G28850.2	ATG2	Calcium-binding EF-hand family protein	3.19E-09	16.67	92	2	1	mpk3 DD	Col-0 KR	33823	44746	16343	21645	28622	21371	2425	1655	1084	1705	2538	5238	1516	1357	1582	1912	2121	1500
AT4G26640.1	Sec23/Sec24 protein transport family protein	3.20E-09	17.20	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	48353	52926	49805	43659	87536	53265	5804	11264	4618	2997	3430	7087	3429	3483	3152	2235	5411	1796
AT4G14960.2	ATUBA6	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	3.30E-09	4.83	1512	21	4	Col-0 DD	mpk3 DD	2555253	2986938	1372176	1311322	2191459	2542374	9322877	9927115	10975340	8959787	10974945	12384657	10454861	10941511	10307854	9884242	7492454	8202293
AT3G11780.1	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein / ML domain-containing protein	3.42E-09	4.03	151	3	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5039	5519	3906	4510	6382	4417	14502	17897	17464	21818	15197	15427	25590	16741	23783	22534	13793	17437
AT1G59230.1	NITH/YNS family protein	3.51E-09	11.14	77	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	10940	8985	7792	9035	9530	8532	127115	120617	160689	96671	49535	62048	71803	65134	77853	45476	57668	51211
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	3.52E-09	6.17	528	8	7	Col-0 DD	mpk3 DD	119239	118364	107402	92334	137232	107220	771769	870036	841613	867850	403436	452748	504241	636423	721272	661518	504858	410885
AT5G55280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	3.61E-09	4.81	175	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	83081	93531	41567	43599	52381	51784	262904	215983	220897	239764	302334	344513	327744	284238	252395	297095	277413	320021
AT5G24020.1	MIN3, ARC11, ATKMS1 - kinesin with MS-determining protein (MINO)	3.63E-09	3.55	211	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	40609	35691	28350	34561	32680	37949	92895	84761	145228	99276	69599	137824	134656	111973	142288	102333	110245	115252
AT4G21210.1	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	3.67E-09	2.90	446	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	244400	245713	249243	264268	278421	332912	658621	617490	1145589	741696	751213	727723	799129	637264	818096	765974	868770	801922
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	3.98E-09	3.13	372	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	315401	320026	282937	267259	453170	428638	759302	786335	975508	802729	946448	1067767	1179518	1065399	1040185	920439	1192778	1071661
AT5G67500.2	ATVDAC2	VDAC2 - voltage-dependent anion channel 2	4.29E-09	6.84	205	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	28963	26826	48947	30614	58537	47718	160151	310127	336090	279953	160256	220433	298966	299182	282997	270468	205247	295062
AT2G45470.1	FLAB, AGP8 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 8	4.29E-09	9.17	141	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	7389	8113	7422	4795	24016	13390	87823	89667	72881	79512	95996	111356	103181	88848	99057	98803
AT1G78010.1	tRNA modification GTPase, putative	4.33E-09	6.33	49	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	59706	54923	31510	39178	32633	32200	6574	5390	5358	8841	7909	13000	6970	6120	6718	6241	5910	7568
AT2G37220.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	4.45E-09	5.00	221	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	24931	34691	33597	34747	35110	61880	192511	160787	188262	138065	188154	149788	179804	179981	129360	176593	279357	178884
AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	4.63E-09	3.70	230	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	158022	171759	106191	134370	101288	117000	473007	528134	591580	437013	400080	406694	446377	525637	520754	444212	376912	351119
AT1G15750.1	ATVSP1, TPL - Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	4.65E-09	4.85	573	7	3	Col-0 DD	mpk3 DD	37260	32447	29395	31411	69939	59199	174089	173396	250885	199684	240756	215050	185909	204893	226303	186360	191502	167031
AT4G02620.1	vacuolar ATPase subunit F family protein	4.67E-09	7.20	367	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	147782	161384	104058	128392	67080	83274	722637	593889	910243	679263	1033975	1042625	956880	719721	618381	880504	440800	869179
AT2G18280.1	FAC1, ATAMPD2 - AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	5.07E-09	3.32	182	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	97732	110231	85728	85116	97056	141866	408175	346676	479397	414036	300376	288643	248573	270297	288138	307588	273986	264449
AT3G44310.1	NIT3, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 3	5.22E-09	2.78	1208	17	17	Col-0 KR	mpk3 DD	5078731	5789307	7253679	6851623	8826092	9268966	17384153	17072844	19825917	16357736	19944981	22053858	20522443	19983142	20799512	20520244	19065282	18630313
AT1G70770.1	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	5.31E-09	8.14	263	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	474764	581159	725513	685004	330333	453401	89931	76293	112208	77576	50985	54243	105563	55153	54839	70618	72989	40338
AT5G13440.1	ATSQ1	Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit	5.54E-09	4.62	66	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	52932	57640	41985	41888	74745	77579	206346	227994	275004	260408	283448	289925	318476	250022	218983	196990	177652	211310
AT3G10420.2	ATSPD1	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	5.67E-09	5.27	181	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	54481	55018	104522	93447	46632	48202	370735	134023	450078	326053	281014	371192	298275	329346	363100	329907	277529	217743
AT1G26560.1	BGLU40 - beta glucosidase 40	5.71E-09	7.87	118	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	29572	16812	6951	18065	16364	12005	91484	86453	132803	95511	115342	122884	151786	134375	132127	101452	155116	110567
AT5G21160.1	unknown protein	5.96E-09	6.19	134	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	31747	29375	17742	18136	53810	44451	174201	211504	183886	199904	154673	147241	187326	193841	213222	207771	219313	166774

AT5G28220.1	TRAF-like family protein	2.00E-08	5.87	46	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	38545	33677	25304	19532	24910	17268	166723	134882	134023	136359	86520	108446	210417	198078	138061	174806	106627	106515
AT5G15400.1	U-box domain-containing protein	2.02E-08	7.28	209	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	336337	355741	176456	168275	163956	222753	22557	22089	36169	31738	54854	30021	31180	33957	35012	30432	18807	46214
AT3G28920.2	AtMB4, MB4, ZHD9 - homeobox protein 34	2.03E-08	7.47	122	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	21388	28232	40353	38818	30286	33933	261120	343238	261095	291046	135663	148750	99208	165993	176291	207671	123302	136668
AT2G27710.1;AT2G	60S acidic ribosomal protein family	2.04E-08	4.61	1453	16	11	Col-0 DD	mpk3 DD	4201472	4362569	5775220	5852310	7768302	6318500	33815421	37371206	25506954	26432600	16189609	18707473	18948084	24104126	25124680	22564225	24597182	19297274
AT2G28290.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.08E-08	2.86	482	9	8	Col-0 DD	mpk3 DD	176311	191739	229041	251409	164063	159464	647421	593792	600477	542311	444204	528113	507921	523170	466724	488282	135239	418448
AT2G23670.1	YCF37 - homolog of Synechocystis YCF37	2.12E-08	6.64	48	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15559	14561	11478	7311	4051	8599	58445	81815	84867	66788	55853	60840	78130	59087	62278	71691	55955	48728
AT3G04550.1	unknown protein	2.16E-08	3.09	250	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	194310	197355	174417	199109	172331	270427	419666	387527	513924	429652	625467	589474	651136	531969	575889	548860	815873	604576
AT5G22640.1;ATSG	emb2121 - MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	2.19E-08	5.69	400	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD	150456	135159	221728	219800	166909	151700	1378967	1322897	1056703	993785	537618	665425	872041	857489	970557	885571	741669	562402
AT2G35490.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.23E-08	3.14	389	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	605352	759436	630971	841378	906985	1138550	2236509	1878249	2673170	2271516	2647668	2820461	2405020	2574233	2397115	1933391	2814577	3203742
AT1G74040.1	IMS1, MAML-1, IPMS2 - 2-isopropylmalate synthase 1	2.27E-08	10.02	684	8	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2469	3834	1911	1364	3624	5815	13932	10884	24780	24651	20142	25412	27854	31236	37003	30977	31098	32297
AT5G25780.1	EIF3B-2, EIF3B, ATEIF3B-2 - eukaryotic translation initiation factor 3B-2	2.30E-08	2.57	850	13	2	Col-0 DD	mpk3 DD	95961	87725	112494	99438	92822	83234	34731	47561	41656	31132	34042	31294	30063	36692	34746	31755	49172	41751
AT4G21660.2;ATSG	proline-rich extensin-like family	2.32E-08	4.60	632	9	9	Col-0 DD	mpk3 DD	233028	234777	362081	325747	368882	452407	2243409	1896202	1527305	1264842	1031578	1124967	1466890	1362136	1400211	1293359	1182833	1028586
AT1G19150.1;ATG	BES1, BZR2 - Brassinosteroid signalling positive regulator (BZR1) family protein	2.35E-08	8.37	107	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	15257	22932	17107	14380	10456	7782	169630	157599	129481	89133	56471	66981	121806	141390	133673	114115	129340	95899
AT5G63910.1	FCLY - farnesylcysteine lyase	2.38E-08	7.85	86	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	6277	11334	3111	5937	3802	6722	39725	50401	42645	43899	53947	61090	39294	58187	41756	45440	20948	34726
AT3G55520.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp2-like	2.40E-08	3.07	114	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	164055	171801	200607	185011	138534	145248	106960	91325	67796	58086	60208	84568	51637	57373	59027	54435	54450	50322
AT1G17720.2	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	2.43E-08	4.65	390	5	1	Col-0 KR	mpk3 DD	18739	23465	12432	8287	21705	22210	59323	72882	85951	68729	91077	89037	82958	87812	79582	78256	73473	95193
AT2G17410.1	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	2.43E-08	4.94	532	8	1	Col-0 KR	mpk3 DD	54321	99255	47291	74005	38081	71488	426030	319251	352668	317172	244963	240418	218312	243200	188260	242044	217918	173992
AT5G04540.1	unknown protein	2.44E-08	4.06	9277	133	133	Col-0 DD	mpk3 DD	20349579	21461703	19443744	18898724	20080424	21020866	10907516	11358041	89086930	77447021	48833406	54578318	77240946	80731095	79631219	79547669	61056495	58210561
AT1G13130.1	PSAF - photosystem I subunit F	2.51E-08	3.45	43	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	27508	33215	64918	38054	58803	36983	130988	139355	160574	143400	151348	162459	136090	156704	161283	133910	183381	124369
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.51E-08	3.52	109	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	55726	54726	65877	49759	47556	50800	113113	117000	159895	147629	228666	217760	148477	187048	204058	216066	192776	194529
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.59E-08	3.29	81	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	108626	102446	108812	98343	151777	107897	475596	473831	300239	369306	279548	330970	327782	330863	391663	395948	282153	246663
AT1G30940.1	NAC45 - nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 5	2.61E-08	10.03	151	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	13220	7434	14928	16055	7069	12277	189014	180362	130175	95207	57230	60159	80804	127415	104844	123335	102278	90541
AT5G60640.1;ATSG	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 - PDI-like 1-4	2.64E-08	2.75	480	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	1420716	1408314	1330487	1177243	1301753	1450849	4301158	4736207	3807134	4093487	2868563	2473338	3106174	3733396	4139494	3446908	3107789	3535516
AT1G75780.1	TUB1 - tubulin beta-1 chain	2.67E-08	3.18	815	11	11	Col-0 DD	mpk3 DD	26312	24159	25032	14535	22814	19124	99233	83401	79591	53538	51460	60554	68301	63710	81332	69865	67295	64022
AT4G21445.1	unknown protein	2.71E-08	4.10	130	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	98977	121833	50483	75763	56900	85947	357845	278540	266635	280948	384473	442357	352656	324419	276506	282905	427645	324139
AT3G57560.1	NAGK - N-acetyl-L-glutamate kinase	2.72E-08	5.25	124	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	26765	31084	19989	21027	61440	45106	123146	136026	140346	138685	178693	204349	184390	197444	185151	191657	165303	155343
AT5G15090.1	VDAC3, ATVDAC3 - voltage dependent anion channel 3	2.73E-08	6.23	86	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	28621	26358	26757	22002	61401	56981	107477	148867	193602	176532	123954	170294	178337	242897	213820	215556	263433	250441
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	2.74E-08	4.61	276	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	60864	60218	51793	51571	67524	104857	189798	154556	348080	252023	329687	344435	319760	273042	301173	322776	312964	298831
AT3G56150.1	EIF3C, ATEIF3C-1, EIF3C-1, ATTIF3C1, TIF3C1 - eukaryotic translation initiation factor 3C	2.76E-08	3.20	1216	15	15	Col-0 DD	mpk3 DD	2615920	2620246	2208201	2179338	2237981	2530849	9090969	10066277	7580966	6920166	6591184	5738816	5985497	5983631	6434447	6673637	5815518	5483513
AT4G08850.1	XBCP3 - xylem bark-cell-specific peptidase 3	2.76E-08	7.71	67	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5435	2139	5877	3864	7409	9782	41892	41877	63608	44011	29047	30228	48204	49752	49067	38641	43023	37324
AT3G49990.1	unknown protein: Has 1524 Blast hits to 1298 proteins in 225 species: Archae - 9; Bacteria - 84; Metazoa - 4	2.78E-08	3.09	306	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	60820	70318	80872	85684	78449	69659	137833	135615	259425	230264	195900	184724	249797	242763	208022	254782	204794	217247
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	2.79E-08	3.31	470	9	9	mpk3 DD	Col-0 KR	440985	380625	524601	473884	369081	395153	99067	89529	165389	137948	160052	164909	136612	143099	141899	131716	94505	146384
AT4G04840.1	Ribosomal protein L5/Jas	2.81E-08	3.65	185	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	29079	42188	46901	60582	44609	55200	189618	143119	225454	163818	135570	169926	144727	184542	163979	127884	138592	114416
AT1G75950.1	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 - S phase kinase-associated protein 1	2.82E-08	3.20	140	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	76585	69591	59346	63903	58650	67317	166830	144941	166787	118313	164144	147081	125672	140448	117902	145104	96576	121216
AT4G13200.1	unknown protein	2.84E-08	3.37	277	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD	145369	151950	177062	131237	158266	149191	645256	615398	489954	412360	340205	327918	457556	493585	620987	481584	603602	422272
AT1G80180.2;ATG	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	2.85E-08	2.49	360	6	6	mpk3 DD	Col-0 KR	1412882	1244014	1244527	1258619	1704258	1499580	5312091	5220222	7002249	5355007	5832353	7147191	4785491	5434558	7480445	6053189	5273360	4563137
AT1G21250.1	Ribosomal protein L10 family protein	2.88E-08	7.91	935	11	11	Col-0 DD	mpk3 DD	1292751	50176	87255	65527	56970	73490	3090221	3764462	2705461	2454579	3804478	3350301	4544663	4572224	5228224	5107381	3369477	5052455
AT5G13560.1	unknown protein	2.89E-08	3.76	153	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	272191	321226	317259	332655	173552	239154	122461	104003	104389	95218	107578	76289	77905	73808	73621	94469	67306	52802
AT1G66410.1;ATG	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	2.95E-08	3.05	496	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD	2234426	2485414	1704123	1815845	1529616	1735462	7523943	7385526	6479531	5130668	4146421	4456195	5207993	5270374	5726357	5452823	5177089	5383918
AT4G03530.1;ATG	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein	2.96E-08	3.86	212	4	3	Col-0 DD	mpk3 DD	41662	47003	23766	28713	36147	39647	125529	118617	158890	115726	140806	176019	119539	129197	145513	115179	83236	85288
AT3G25510.1;ATG	FdC1 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	3.03E-08	9.35	52	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	16847	19600	6770	6445	15108	14764	126486	138302	92117	147850	119426	119825	44172	114209	142068	119612	99617	91296
AT1G06070.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	3.10E-08	3.93	361	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	73441	75903	73535	68665	84262	61162	403691	343527	321877	283708	167535	198426	257460	277587	303065	255241	199534	232044
AT4G31120.1	SIB1, ATPRMT5 - SNF1b-binding protein 1	3.17E-08	9.39	50	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2675	8949	7310	4969	5022	4506	26831	36336	68268	48878	62738	71004	41635	49779	56442	50490	29599	27559
AT5G51860.1	PCB2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	3.20E-08	24.14	57	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	251	312	169	40	132	180	6396	4171	3426	3196	4916	4090	3405	3192	2951	3073	972	1610
AT2G15580.1;ATG2	unknown protein	3.25E-08	5.01	152	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	81423	100610	33782	55394	29400	65544	317204	268670	322334	290589	329135	307200	288752	346321	287155	314216	252455	280839
AT5G19510.1	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	3.31E-08	18.56	152	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	13873	5197	16121	8215	4467	2690	261333	253782	141199	112835	72418	96981	71853	152720	107027	116042	145541	110880
AT2G30870.1	ATGSTF10, ERD13, ATGSTF4, GSTF10 - glutathione S-transferase PHI 10	3.61E-08	6.03	163	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	36709	31997	19408	24707	10773	19321	124100	83670	153160	123821	199804	177160	156490	153095	116822	131648	123602	140992
AT5G51110.1	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	3.72E-08	3.09	149	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	97040	75974	66737	55221	102325	102968	173909	187913	294029	242486	230149	237080	253710	227860	267324	265039	243956	281864
AT1G16880.1	ethylbenzonate-CoA ligase	3.97E-08	6.87	175	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	91185	107516	59305	49825	111491	113040	430175	561308	355157	578853	547235	618778	503300	497866	670594	714925	508166	630121
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	3.97E-08	2.50	497	8	7	mpk3 DD	Col-0 KR	1529031	338062	394772	379523	503838	601437	210851	233807	203533	173252	191754	201828	159145	183922	169058	170458	170728	173669
AT5G14060.1;ATG	CARAB-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	3.98E-08	5.15	209	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	176147	221602	207867	193504	316784	245112	53075	49012	30731	48041	65212	53107	58727	52074	48877	46660	21703	36077
AT3G56190.2;ATSG	ALPHA-SNAP2, ASNAP - alpha-soluble NSF attachment protein 2	4.00E-08	3.36	168	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	99936	91440	69457	64250	77994	73709	230688	205239	303326	270615	274943	177080	244937	280924	221047	198164	188721	266739
AT4G05630.1	PSL4 - calmodulin-binding protein	4.06E-08	5.12	379	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	148649	139592	218494	211868	177245	162095	1542800	1342001	1090897	952027	677169	697505	704020	870205	865847	838626	845708	732513
AT5G01400.1	ESP4 - HEAT repeat-containing protein	4.19E-08	337.68	134	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	0	609	0	0	0	0	37821	38557	40187	45695	19787	23715	27325	29448	37991	32075	13026	11330
AT4G34200.1	EDA9 - D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	4.22E-08	3.34	336	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	96481	92997	101335	92132	141579	153013	280555	201923	292144	298906	197830	354878	352335	399519	396723	319196	350589	442991
AT5G08060.1	unknown protein	4.26E-08	4.72	69	3	1	Col-0 DD	mpk3 DD	13680	14952	34500	23439	21926	17991	87492	83302	82720	67125	69008	77950	68808	69194	118699	98382	130444	111911
AT1G07320.1	RPL4 - ribosomal protein L4	4.38E-08	4.98	882	11	11	Col-0 DD	mpk3 DD	2992089	2800479	5664592	5814701	6028307	5318975	34118952	32080872	20172913	18226876	18427341	19340433	23969568	22153686	25754050	24222056	17269673	18049417
AT3G58010.1	PQL34 - plastoglobulin 34kD	4.46E-08	2.45	344	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD	1335354	1666552	1104771	1059038	1349498	1695478	4556247	3426737	2883572	2872798	2988452	3422618	3471931	3341819	3316089	3288358	2870145	3214605
AT5G14210.1	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	4.49E-08	4.94	2370	27	26	Col-0 KR	mpk3 DD	32458212	34997882	39644459	40225448	59577789	70126336	142846787	130822024	190422127	154657989	285140678	279756644	250251347	203907823	218915988	222132757	253802739	270132358
AT1G33240.1	AT-GTL1, AT-GTL2, GTL1 - GT-2-like 1	4.49E-08	2.42	320	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	108124	136106	150494	147236	127628	137902	430166	397637	314254	277993	261293	275862	326251	317856	278222	305870	323168	259511
AT3G05530.1;ATG	RPTSA, ATSEA-2 - regulatory particle triple-A ATPase 5A	4.58E-08	2.71	355	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	279104	301893	431404	399468	398675	349081	866500	764385	1050018	868973	1055898	1064120	1069814	1053376	995479	960042	644717	1127750
AT2G44440.1	PTN2, BGLU28 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	4.58E-08	23.77	54	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	115269	108506	93185	96543	81554	92526	4476	6203	8420	4329	5377	1047	1685	3206	1667	3328	9441	5301
AT1G50620.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	4.73E-08	13.11	76	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3912	6391	4117	7555	3225	26344	124157	132169	150971	121765	73241	73196	80241	86766	74998	81608	103649	80909
AT3G20810.3;ATG	JMJD5 - 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	4.77E-08	6.43	48	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	39514	40089	47756	34275	60211	39505	3083	3957	7136	8635	8355	9504	9442	7941	8305	5358	4567	6668
AT5G15450.1	APG5, CLPB3, CLPB-P - cases lytic proteinase B3	4.78E-08	3.83	359	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	22076	22495	26487	24933	73379	54775	219790	170427	206688	211701	234656	135297	228525	222709	228201	216934	184499	224531
AT4G37800.1	XTH7 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 7	4.81E-08	2.95	224	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	80014	104283	79173	73805	68258	125843	244460	190210	358134	230860	262456	282924	270230	273235	263458	250720	217651	223076
AT1G52510.1;ATG	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.84E-08	4.00	408	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	98078	129525	117323	112548	171932	221754	417286	416643	508870	447939	692573	868097	605099	549543	582874	548699	558298	562920
AT4G09650.1	ATPD - ATP synthase delta-subunit gene	4.88E-08	2.95	1101	12	12	Col-0 DD	mpk3 DD	6620775	7448788	4233754	3994224	5025412	4929845	13448132	11351590	17414307	14391287	19698776	18780507	15304440	15174450	14356145	14856528	14960999	17193973
AT1G17100.1	SOUL heme-binding family protein	4.89E-08	4.18	168	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	37373	34439	32765	22852	57906	33151	105684	103806	129912	101805	72498	166178	139004	140317	146013	180524	144353	163645
AT4G25370.1	Double Clp-N motif protein	5.04E-08	2.44	101	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	40817	36394	47134	54041	55539	51512	74279	91396	84510	108667	97488	110075	135330	111348	111558	118872	120684	97570
AT2G30950.1;ATG	VAR2, FTSH2 - FtsH extracellular protease family	5.31E-08	4.12	320	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	23393	45149	22601	34147	21526	35535	97059	87582	142912	104985	150132	173082	122595	129108	101153	105043	131761	143266
AT4G20120.1	RUXF - small nuclear ribonucleoprotein F	5.37E-08	4.46	41	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	48232	49072	58488	51725	89917	125543	226681	212037	246192	217637	307074	222835	283739	299747	284301	260756	194203	364379
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	5.41E-08	5.17	110	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	19795	23620	31381	21134	18045	17211	76629	75210	85783	119359	163233	157458	169135	134741	80988	90587	93526	100254
AT5G16290.1	VAT1 - VALINE TOLERANT 1	5.51E-08	3.17	478	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	151269	150991	207610	214796	195250	251922	338821	339762	509155	476877	623326	651932	638661	578211	613614	558713	652367	674660
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B - ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	5.57E-08	3.58	51	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	18736	25612	19662	13462	17532	10363	83144	78208	68896	103980	94634	68921	72712	54413	63927	56819	71887	
AT2G09990.1;ATSG	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein	5.74E-08	2.30	107	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	75504	75155	87586	60331	77669	80915	157628	153681	193877	185851	142309	220186	163788	129415	152889	139942	183425	148093
AT4G30180.1	scpl29 - serine carboxypeptidase-like 29	5.84E-08	6.49	85	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	6872	7183	5074	4931	8488	9540	31512	18103	50981	44650	71355	56679	51946	43245	36947	40161	42646	50518
AT1G67360.1	Rubber elongation factor protein (REF)	5.87E-08	8.86	67	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	814	2390	3305	1320	5743	2173	20858	23246	31006	19172	19792	26479	16795	21041	28215	21388	27630	24679
AT2G18140.1	unknown protein	5.89E-08	5.40	99	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	58339	52920	80923	81291	37281	43017	401225	395562	442400	265681	219087	186338	269772	271772	304640	281642	216289	223755
AT5G65250.1	OVA6, PRORS1 - Class II aaRS and biotin synthetases superfamily protein	6.15E-08	3.72	871	14	14	Col-0 KR	mpk3 DD	359993	384961	273396	240160	388752	369749	745244	683257	1118350	971776	1405322	1408503	1318681	1124957	1129989	1116533	1425941	1394510
AT4G01440.1	ATCYSC1, ARATH;BS4G1, CYSC1 - cysteine synthase C1	6.16E-08	17.91	42	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	3207	5847	630	1829	4005	585	37455	36103	45451	37968	43903	47278	45145	50676	50158	38168	54331	49741
AT2G26570.1;ATG	WEB1 - Plant protein of unknown function (DUF827)	6.19E-08	2.68	680	10	10	Col-0 DD	mpk3 DD	338862	412752	389382	506440	418364	434142	1420467	1325022	1222604	1043888	792221	902704	1008995	1075820	1017515	972084	894018	790703
AT4G19170.1	NCED4, CCD4 - nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 4	6.30E-08	2.86	322	6	6	Col-0 KR	mpk3 DD	113006	115493	136386	114953	168091	161070	275086	255372	423933	381436	435428	475331	423944	389219	347453	405026	345906	403987
AT4G14110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - polyadenylate binding protein 2	6.34E-08	1.63	284	5	4	Col-0 KR	mpk3 DD	44218	64001	90696	97632	65537	63524	209376	228008	240641	229173	264403	271328	212795	257954	224638	208722	157809	
AT5G04140.1	GLU1, GLS1, GLU5, FD-GOGAT - glutamate synthase 1	6.35E-08	2.82	428	7	7	Col-0 KR	mpk3 DD	162173	164228	111816	101896	109090	101439	244963	291243	324902	274562	416761	376260	421457	346912	330207	326319	342743	346100
AT1G64520.1	RPN12a - regulatory particle non-ATPase 12A	6.39E-08	2.24	487	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	615496	731159	593819	612212	565535	704537	1335576	1118368	1388706	1153200	1798034	1755377	1631770	1379443	1278891	1335383	1299965	1273630
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	6.43E-08	4.10	430	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	379057	370209	300730	227038	341646	309811	60121	52730	73283	66921	116955	100811	88653	86368	87663	81795	96504	47318
AT1G07740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	6.63E-08	3.06	377	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	149804	213041	246743	297846	313022	253022	491703	642066	562766	721659	810275	658272	616947	768540	807807	545104	633713	
AT4G25050.1	ACH4 - acyl carrier protein 4	6.68E-08	8.87	51	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	82128	80041	31056	36202	25431	34733	575957	389954	403397	330106	449106	420823	395828	310747	269391	354694	140899	428968
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	6.84E-08	4.49	69	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	89365	88334	43727	37725	85420	62790	380267	365021	303556	259782	229576	292608	213581	273695	276208	267143	187873	226214
AT4G05683.1	PDK, ATPDHK - Histidine kinase-like ATPase superfamily protein	6.87E-08	14.25	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	6120	3971	2645	883	5128	6757	51851	36363	115698	51805	46599	37029	51937	56207	58106	42445	75563	54347
AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	6.92E-08	7.58	52	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	5398	8709	12811	9650	8572	3383	47934	31977	50726	40807	45169	60546	59925	67231	68532	74799	66897

Tabelle1

ATSG35170.1	adenylate kinase family protein	1.17E-07	4.55	171	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	32244	38166	24846	25113	42725	53448	101420	137723	170695	175589	188108	212972	109902	160659	177251	187505	102627	118809
ATSG61111.1;ATSG	Zinc-binding ribosomal protein family protein	1.18E-07	11.49	67	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	12396	7677	14304	22016	8302	19907	57913	52478	257040	130825	161579	159695	194608	112428	129570	138887	174752	151621
ATSG19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	1.20E-07	2.15	524	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	367789	357803	298078	287345	287272	336739	585299	565173	812535	671691	877950	654870	642590	574153	620310	672450	534200	533567
ATCG00040.1	ATP8, P8 - ATP synthase subunit beta	1.20E-07	2.70	5050	66	63	Col-0 KR	mpk3 DD	52079493	53367016	61480453	63324010	73260231	83241381	128388967	124939446	170825763	142511589	218938628	223518771	165539667	160355346	178287074	170921153	179101588	190538745
ATSG48300.1	ADG1, APS1 - ADP glucose pyrophosphorylase 1	1.22E-07	2.20	1041	15	15	Col-0 DD	mpk3 DD	1828192	1755193	1295318	1245860	1280051	1300333	2909968	2658771	3687147	2732381	3441370	3447898	3034500	3203325	3315172	3378360	2614996	2852476
ATG66580.1;ATG	SAG24, RPL10C - senescence associated gene 24	1.25E-07	2.54	132	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	51037	48537	57280	60869	79692	70441	146830	173681	147190	148931	154593	164653	139686	151260	149849	155929	106361	96021
ATG16191.1	RAD23A - Rad23 UV excision repair protein family	1.26E-07	4.39	218	4	3	Col-0 DD	mpk3 DD	429634	450557	207834	347761	153229	226229	1282879	1581863	1160074	1267338	1274433	1406358	838431	1331365	1216071	1443552	997569	1194634
ATSG08580.1	Calcium-binding EF hand family protein	1.30E-07	646.13	57	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2	0	207	0	191	0	64685	48674	37233	42391	38762	26572	49316	31578	27662	34626	32047	30987
ATG54630.1	AQ13 - acyl carrier protein 3	1.33E-07	5.56	179	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	40115	32484	11547	14846	13599	17023	131413	104493	114871	104163	124495	143930	110038	83258	71478	96418	65658	93669
ATSG16660.1;ATSG	unknown protein	1.34E-07	18.62	71	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1210	666	1264	1669	2716	1080	6562	17491	24114	26621	9896	29373	41092	26855	19012	40814	21451	10948
ATG05092.1	CLPC, ATHSP93-V, HSP93-V, DCA1, CLPC1 - CLPC homologue 1	1.37E-07	2.36	2910	41	16	Col-0 KR	mpk3 DD	1092769	1253772	1190992	1252040	1493044	1874651	2726138	2091984	3686260	2907973	3248090	3298974	3195119	3188294	3270838	3178805	3255891	3146530
ATG36147.1	LHCA2 - photosystem I light harvesting complex gene 2	1.38E-07	6.99	282	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	68126	101538	26755	48902	41924	74250	286808	239398	605291	380864	515972	497282	413673	355506	255501	298508	309817	269832
ATG13560.1	ATHM4, TRX-M4, ATM4 - thioredoxin M-type 4	1.40E-07	3.65	50	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	11001	18472	11190	14360	12097	19348	60756	41260	57015	31281	71636	40931	50362	42159	50343	53070	68080	51928
ATG22580.1	Stress responsive A/B Barrel Domain	1.41E-07	693.18	60	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	114	0	0	0	508	0	55111	39542	54691	50990	91041	85491	74535	79490	79788	73227	65790	58177
ATG04710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.42E-07	7.24	135	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	10582	7137	7524	6899	17231	10132	87855	95429	70807	85923	40425	50224	57153	78502	84899	91767	31869	44495
ATG16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	1.43E-07	3.73	222	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	355814	390766	200145	192809	275396	219584	1138882	1024098	881061	706069	1134071	1220048	989338	941569	725901	830019	612014	664289
ATAG20360.1	ATRABB3, ATRAB11B, RAB11b - RAB GTPase homolog E1B	1.46E-07	2.24	2683	32	31	Col-0 KR	mpk3 DD	37071479	41726516	29488881	32639829	41116651	47178011	69602739	61442043	84351527	75677536	101318648	102398819	84036321	80545836	86401454	90306218	79611446	96412099
ATG34445.1	cupin group 1 protein	1.50E-07	2.49	756	11	11	mpk3 DD	Col-0 DD	1840819	1791371	1428316	1197811	1448832	1577730	623997	632621	1052488	722262	712866	758337	637957	706378	630207	677137	580494	493072
ATG62390.1	Phox2 - Octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein / tetratricopeptide repeat (TPR)-cont	1.50E-07	8.34	44	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	4466	4176	4236	2237	8211	7626	51218	21474	63347	39780	43565	38733	46154	29474	23534	27483	63089	36194
ATG01850.1	MAML-4, IPMS1 - methylthioalkylmalate synthase-like 4	1.53E-07	2.97	862	10	3	Col-0 DD	mpk3 DD	113844	125802	82481	81716	148903	131712	306234	252675	304927	299428	374532	497261	360520	309455	357994	365444	270865	303840
ATG56090.1	ATFER1, FER1 - ferritin 1	1.56E-07	6.67	46	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	16151	15191	42628	31753	15881	18473	124193	116362	132851	145003	250469	165372	75414	115441	85572	162519	138581	176579
ATG41996.1	Molecular chaperone Hsp40/DnaJ family protein	1.57E-07	2.40	71	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	11487	12927	9391	12629	14034	13191	41261	26316	24717	30066	22066	32280	26596	22784	25766	28051	26555	28292
ATG05422.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein	1.57E-07	7.59	138	2	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1149	3155	2664	3542	4528	3706	19190	19452	21010	20305	14002	14432	35620	24285	26653	28391	13309	13946
ATG58220.1	TTL - transthyretin-like	1.64E-07	2.55	234	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	200936	212329	227831	195724	248333	217530	382473	324855	725557	704657	804423	68316	111983	127114	86169	98737	93192	67667	93471
ATG13750.1	BGAL1 - beta galactosidase 1	1.65E-07	3.24	543	7	7	Col-0 DD	mpk3 DD	160118	176469	256316	241089	279022	302591	581871	512332	974536	645529	915246	962253	858845	682219	792539	720813	761621	651527
ATG75350.1	emb2184 - Ribosomal protein L31	1.68E-07	3.65	79	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	12822	9837	24395	26057	16512	16600	61520	63242	60009	48433	46206	67256	72721	70855	73858	66103	55302	49151
ATG06670.2	binding	1.71E-07	4.28	44	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	240022	256295	183413	185245	165003	160713	75133	75247	61078	76566	33610	76714	40086	51087	56555	52234	48296	29867
AT2G42130.4;ATG	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.75E-07	2.34	555	9	9	Col-0 KR	mpk3 DD	1428650	1452244	1299702	1201951	1671486	1867614	2309600	2286700	3241265	2667694	3074083	3780275	3321160	3498702	3558742	3415392	3866930	3229929
ATG03639.1	SBE2.1, BE3 - starch branching enzyme 2.1	1.79E-07	2.22	927	11	8	Col-0 DD	mpk3 DD	535897	578818	630476	625428	942243	727230	1412799	1201482	1668489	1408004	1577897	1681977	1448375	1493218	1348483	1404882	1186431	1188895
ATG42480.1	cphsp70-1 - chloroplast heat shock protein 70-1	1.80E-07	2.13	435	8	4	Col-0 DD	mpk3 DD	85483	64088	62259	70570	98519	72216	129897	134818	153732	113031	124237	141044	135635	150778	183055	175798	158283	159320
AT2G39930.1	ISA1, ATISA1 - isoamylase 1	1.80E-07	3.03	142	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	39330	36564	62842	48221	38497	39361	159595	94442	166118	114561	150365	117598	119425	115130	131872	138120	99829	84834
ATG64370.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	1.83E-07	3.57	288	5	3	mpk3 DD	Col-0 DD	455915	436208	697863	673670	445300	580073	2014227	157334	177872	151740	125578	106400	114931	143743	136064	135963	234664	215318
ATG62952.1	unknown protein	1.83E-07	3.67	224	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	113430	130215	92629	80496	89481	117677	593586	504303	360216	326075	228423	276675	174752	326816	356879	341094	354880	282444
ATG65980.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	1.86E-07	3.58	112	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	35552	28862	43025	39747	43377	36721	78750	96842	70001	111806	158541	170668	130346	128375	147360	138305	118101	151750
ATG32240.1	unknown protein	1.92E-07	3.43	285	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	217395	226326	324537	314245	313744	344443	160297	169253	107986	126852	84427	112966	106020	74359	95042	88415	65616	77694
ATG58290.1	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	1.92E-07	3.42	77	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	44312	46587	48015	62360	59887	12309	11731	15211	11915	16433	25469	11510	12992	21779	12249	18687	12585	
ATG76180.1	ERD14 - Dehydrin family protein	1.92E-07	2.34	656	11	11	mpk3 DD	Col-0 DD	6799919	6491446	5731890	5354368	7767413	6482020	13590057	16608788	14286409	15703390	9229995	11943777	10834479	14698681	17410928	16570388	14675941	13784435
ATG23920.1	BAM1, BAM7, TR-BAMY - beta-amylase 1	1.94E-07	4.56	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	16969	12619	35626	33749	33092	20625	108950	68777	118297	105449	152147	128825	126475	107066	108425	102400	99367	152970
ATG35160.1	GRF4, 14-3-3H9, GF14 PHI - GF14 protein phi chain	1.97E-07	6.18	465	7	1	mpk3 DD	Col-0 DD	158001	142593	126894	115833	110361	144556	11165	28866	27317	14366	21871	25513	25606	17655	22922	24633	51592	45925
ATG47700.1	MAG2 - RING-type E3 ligase	2.01E-07	3.61	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	3216	34707	15371	22626	20775	26880	8294	4807	8345	7316	6800	6967	9115	8673	6326	7953	9879	9594
ATG55833.2	lactate/malate dehydrogenase family protein	2.01E-07	2.65	193	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	64898	64037	62872	46573	74083	88147	107435	122560	174606	138615	145340	194382	195045	182485	176563	165576	174025	166122
ATG31924.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	2.01E-07	15.12	80	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	21564	19626	4779	4702	19993	15998	288836	320336	301335	171754	118471	109468	125315	103118	160223	205126	140910	128003
ATG29810.2	ANNAT2, MAC2, MAC-2 - MAP kinase kinase 2	2.05E-07	5.63	49	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	302036	511962	504210	683310	237990	215985	90792	83310	115161	102077	120439	136186	97708	82469	96628	101121	46193	81604
AT1G01100.1;ATG	60S acidic ribosomal protein family	2.13E-07	2.82	569	7	4	Col-0 DD	mpk3 DD	4138782	4072695	5126609	5805817	5230962	6356353	18904734	18008315	16565850	11640539	10831762	10753561	11602041	11565088	11854977	10637621	12318550	11472094
ATG56290.1	TUB2 - tubulin beta chain 2	2.13E-07	2.24	1506	22	1	mpk3 DD	Col-0 DD	3665206	3037211	3442168	3269454	2770449	3203064	1237140	1067029	1464247	1487132	1698444	1687932	1482764	1837604	1216718	1538852	1582526	1095120
AT1G04080.1;ATG	PP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.15E-07	2.50	382	5	4	mpk3 DD	Col-0 KR	530886	666950	374075	489807	380794	486704	194281	171515	293809	207266	229750	202547	174320	210992	215708	202989	181988	185418
ATG64880.1	Ribosomal protein S5 family protein	2.17E-07	4.22	44	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	54730	49335	38458	36118	79023	49916	185521	271914	272175	265732	130385	174535	144369	228214	258715	247132	173567	155278
AT4G29440.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	2.25E-07	4.23	146	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	95761	109720	55505	54082	106536	95648	499549	457169	396563	360590	217561	256389	430136	329360	374280	359663	308449	259597
ATG64810.1	ATBS-B, BS-#1, BS#1 - CBS-D - cytochrome BS isoform D	2.29E-07	5.19	75	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	17118	19120	8161	12229	24906	20048	110492	135799	64235	53582	60958	68984	68939	87650	87763	87513	88408	84856
ATG51260.1;ATG	PAD1 - 20S proteasome alpha subunit PAD1	2.35E-07	3.91	116	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	15065	15017	20382	16767	11877	20702	51847	45748	44125	41986	48281	60826	68639	50579	42907	48015	70359	109637
ATG53630.1	GS2, GLN2, ATGS1.1 - glutamine synthetase 2	2.40E-07	2.48	1205	19	14	Col-0 DD	mpk3 DD	3960084	4553196	3027336	3749013	4166640	5113361	8279030	7680258	12966739	9224011	10783433	12020735	8856651	8502000	7502298	8238287	9614522	7910642
ATG02560.1	CLPP5, NCLP5, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	2.45E-07	3.10	232	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	502053	477891	586115	522965	942584	979059	1485950	1503599	1656173	1486545	1830775	1976278	1977651	1870770	1888375	1812852	2620748	2263477
AT5G58640.1;ATG	Ras-related small GTP-binding family protein	2.49E-07	2.72	108	2	1	mpk3 DD	Col-0 DD	68293	75094	53325	63151	77490	84740	282666	203044	156669	126453	183011	184734	122353	177323	168925	169434	229536	181563
ATG23700.1	Nucleic acid-binding proteins superfamily	2.52E-07	2.92	116	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	36317	39206	20955	15752	26760	21832	79390	71617	85046	73535	86281	73604	73860	82462	69397	76024	61179	91449
ATG58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	2.53E-07	3.95	129	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	21186	21562	18899	17681	31923	20693	113313	110845	84735	98439	56202	57311	105885	81445	81364	82858	60498	51982
ATG13350.1	NIG - NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	2.56E-07	26.95	45	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	23610	20624	39623	30651	44419	27999	825	820	1387	1851	772	1282	2825	283	4387	1018	2021	2787
AT5G19940.1;ATG	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	2.58E-07	2.96	162	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	70673	72292	64022	53402	118866	102135	195360	166060	184493	223734	248428	300390	257527	244049	242264	220577	247501	213565
ATMG00510.1	NAD7 - NADH dehydrogenase subunit 7	2.58E-07	2.57	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	39708	34216	26728	27511	45109	30324	94160	98665	102600	80462	68549	78060	70309	72206	57767	57587	51643	59622
ATG63160.1	unknown protein	2.60E-07	4.23	112	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	173014	187068	205670	154575	402972	262431	1114202	992159	1104961	1140753	730033	812728	1319322	1044525	993896	806200	653705	584494
ATG51840.1	Cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor 1, Fe-S biogenesis	2.67E-07	2.64	77	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15534	21609	15677	19037	23086	17256	34687	37194	59208	50153	67959	46889	42977	44218	52961	41765	44410	41190
ATG20340.1	DRT112, PETE2 - Cupredoxin superfamily protein	2.71E-07	9.29	72	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	19963	13531	18185	15636	5538	18059	194458	191737	167584	146632	54769	89813	170962	145555	118560	140393	99896	70293
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain-containing protein 4	2.79E-07	2.62	106	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	49122	37608	74387	69633	62846	62452	107439	174067	172985	118520	132121	136767	132762	118550	146141	130428	146784	152409
AT2G20280.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	2.84E-07	3.37	141	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	83798	82158	103585	89444	136393	90166	42027	49126	29024	26883	22290	19641	28227	24389	32125	27376	30381	31353
ATG34430.1	EMB3003 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.91E-07	2.54	879	13	11	Col-0 KR	mpk3 DD	738857	721707	1062264	1017979	1350372	1089307	1738149	1685226	1975741	1968830	2115320	2480950	2485449	2298731	2596108	2446066	3100489	2284065
AT4G01350.1	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein-like protein	2.91E-07	3.24	41	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	25887	33124	57350	42998	38885	31699	162279	155140	128610	96498	103112	102567	87688	123663	130872	113987	86586	107222
ATG20696.2;ATG	HMGB3, NFD3, NFD03 - high mobility group B3	2.93E-07	5.41	53	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	34499	38271	15128	26037	40291	28608	263291	228662	147800	118483	117230	113471	133294	115820	96359	126466	189469	131390
AT4G25450.1;ATG	ATNAP8, NAP8 - non-intrinsic ABC protein 8	2.93E-07	4.15	160	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	35462	39583	20566	24764	18010	39513	82737	79684	122029	120760	153031	147808	107361	154673	119857	137134	81068	138510
ATG64850.1	P2E312, PTAC10 - Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	2.96E-07	4.49	522	8	8	Col-0 DD	mpk3 DD	793890	826881	851360	717024	643182	565083	5104334	4107197	3989314	2709400	1932279	1886494	2330123	2436321	2187335	2181678	2271793	1795150
ATG45201.1	ATTL1, TL11 - triacylglycerol lipase-like 1	2.99E-07	2.48	313	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	177205	196230	141953	110822	145717	166815	459631	372260	477871	322061	332972	362035	445508	344626	351965	361609	344862	267080
AT5G12470.1	Protein of unknown function (DUF3411)	3.11E-07	8.23	105	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	6928	7282	6419	3950	7956	8146	26428	30421	53295	34250	67269	123179	36052	66165	72346	44175	35521	54197
AT5G18420.2;ATG	unknown protein	3.11E-07	46.09	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	38241	30054	11281	8255	10729	12032	83	467	141	94	303	1311	3276	414	1210	601	341	669
ATG06200.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.12E-07	6.78	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5160	5027	2197	1602	7924	2030	21914	26925	23735	33493	26444	27775	14373	28863	33805	34606	24337	26540
ATG56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	3.22E-07	3.69	174	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	58700	67042	40306	68370	100225	67665	143348	169673	206169	172761	238006	289810	250520	230002	185063	236626	245995	226244
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.27E-07	4.85	155	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	17348	13174	29306	35964	39319	42992	97647	120564	140380	97441	115634	105406	111847	116141	192816	129925	136032	176157
AT1G05510.1;ATG	SFR2, ATSFR2 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	3.33E-07	7.21	79	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	7794	7815	2404	2501	9683	6056	38166	38202	47266	53373	36470	45801	58178	59970	45191	41950	34929	21052
ATG47700.1	60S acidic ribosomal protein family	3.34E-07	2.55	445	5	5	mpk3 DD	Col-0 DD	2680144	2671759	3670369	3137297	3553274	4322956	9702519	10570168	10606007	7016924	6839221	6339186	7635809	7458626	7264691	6955581	6765695	6746233
ATG18420.1	Protein prenylyltransferase superfamily protein	3.37E-07	4.64	220	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	24143	37854	10487	25147	17794	25133	104475	61458	88301	96219	113175	137990	84735	94891	121565	112897	146172	91345
AT4G56140.1;ATG	Ribosomal protein L18e/L31e family protein	3.39E-07	8.39	87	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	347691	400553	478800	406654	513032	476853	176811	141798	151339	142676	57025	61308	60985	46540	66552	36501	75371	48312
AT1G60780.1;ATG	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	3.42E-07	2.68	353	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	769655	800005	737353	603264	597223	616504	172499	190070	291462	240925	298958	342709	201758	284363	303625	299467	216038	286005
AT5G51940.1	NRPB6A, NRPD6A, NRPE6A - RNA polymerase Rpb6	3.52E-07	7.11	51	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	67053	62691	77984	181050	72159	162543	16748	8686	12868	17828	30819	18420	15268	13756	11577	14847	18344	13905
AT2G22260.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.53E-07	7.90	48	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1115	1525	3321	2264	1797	1870	16414	16520	10958	19706	7722	15941	25195	14373	28863	33805	34606	24337	26540
ATG56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	3.22E-07	3.69	174	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	58700	67042	40306	68370	100225	67665	143348	169673	206169	172761	238006	289810	250520	230002	185063	236626	245995	226244
ATG27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.27E-07	4.85	155	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	17348	13174	29306	35964	39319	42992	97647	120564	140380	97441	115634	105406	111847	116141	192816	129925	136032	176157
AT1G05510.1;ATG	SFR2, ATSFR2 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	3.33E-07	7.21	79	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	7794	7815	2404	2501	9683	6056	38166	38202	47266	53373	36470	45801	58178	59970	45191	41950	34929	21052
ATG47500.1	60S acidic ribosomal protein family	3.34E-07	2.55	445	5	5	mpk3 DD	Col-0 DD	2680144	2671759	3670369	3137297	3553274	4322956	9702519	10570168	10606007	7016924	6839221	6339186	7635809	7458626	7264691	6955581	6765695	6746233
ATG18420.1	Protein prenylyltransferase superfamily protein	3.37E-07	4.64	220	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	24143	37854	10487	25147	17794	25133	104475	61458	88301	96219	113175	137990	84735	94891	121565	112897	146172	91345
AT4G56140.1;ATG	Ribosomal protein L18e/L31e family protein	3.39E-07	8.39	87	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	347691	400553	478800	406654	513032	476853	176811	141798	151339	142676	57025	61308	60985	46540	66552	36501	75371	48312
ATG60780.1;ATG	HAP13 - Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	3.42E-07	2.68	353	5	5	mpk3 DD	Col-0 KR	769655	800005	737353	603264	597223	616504	172499	190070	291462	240925	298958	342709	201758	284363	303625	299467	216038	286005
ATG51940.1	NRPB6A, NRPD6A, NRPE6A - RNA polymerase Rpb6	3.52E-07	7.11	51	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	67053	62691	77984	181050	72159	162543	16748	8686	12868	17828	30819	18420	15268	13756	11577	14847	18344	13905
ATG22260.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.53E-07	7.90	48	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1115	1525	3321	2264	1797	1870	16414	16520	10958	19706	7722	15941	25195	14373	28863	33805	34606	24337	26540
ATG56650.1	Mog1/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	3.22E-07	3.69	174	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	58700	67042	40306	68370	100225	67665	143348	169673	206169	172761	238006	289810	250520	230002	185063	236626	245995	226244
ATG27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.27E-07	4.85	155	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	17348	13174	29306	35964	39319	42992	97647	120564	140380	97441	115634	105406	111847	116141	192816	129925	136032	176157
AT1G05510.1;ATG	SFR2, ATSFR2 - Glycosyl hydrolase superfamily protein	3.33E-07	7.21	79	1	1	mpk3 D

Tabelle1

ATSG38480.1	GRF3, RC1 - general regulatory factor 3	6.54E-07	2.84	468	8	4	Col-0 KR	mpk3 DD	Col-0 DD	195664	208874	139509	104173	149101	160982	299640	323465	341066	323034	294749	497812	548513	386623	479129	500780	449874	354602			
ATSG07350.1	Tudor1, ATTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	6.66E-07	10.81	155	3	1	mpk3 DD	Col-0 DD	mpk3 KR	29157	22635	67759	67809	46403	38655	1563	2792	8416	4824	3078	4515	8039	6709	4570	8478	2602	4506			
ATMG02670.1	AtHip1, HIP1, TRH1 - HSP70-interacting protein 1	6.80E-07	2.42	3159	36	36	Col-0 DD	mpk3 DD	mpk3 KR	36195127	37877615	46718676	45155990	44790418	44524653	135981774	125887894	113969065	94095145	74444789	72851516	100117887	89339917	85857875	82623978	84117031	77792433			
ATLG33265.1	Transmembrane proteins 14C	6.96E-07	1011.44	40	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD		6467	4133	21636	21367	25382	23689	102	0	0	0	0	0	0	0	90	42	0	0	0			
ATG27970.1;ATG	NTF2B - nuclear transport factor 2B	7.16E-07	2.76	421	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD		577667	676417	357550	422607	566868	737567	1087463	998971	1557878	1281643	1649747	1674366	1573236	1413297	1376577	1391940	1798943	1656373			
ATG35360.2;ATG	CAC2 - acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit	7.22E-07	2.02	721	10	10	Col-0 DD	mpk3 DD		2889517	2242648	2384018	2387702	3334958	3332560	4828673	4725922	6034951	4727663	6764782	6453152	5449197	4899747	5268032	5506864	4601927	4974922			
ATMG14070.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	7.33E-07	4.28	194	3	2	Col-0 DD	mpk3 DD		31158	23209	11867	12141	37383	24725	78906	69061	122386	108813	128092	93560	131274	107475	101805	94980	80394	76772			
ATG16880.1;ATG	Target of Myb protein 1	7.65E-07	2.74	401	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD		338899	457701	433314	646936	342896	485491	1669034	1321234	1420338	1034110	864867	1095154	1026536	1104071	1026500	1240439	1015872	867372			
AT2G13720.1	DNA topoisomerase (ATP-hydrolyzing);ATP binding;DNA binding	7.70E-07	4.72	43	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		19364	15763	11123	6447	25775	16582	90676	68344	87206	78304	49355	75224	68141	88676	75891	59013	50258	45022			
ATG12260.1	LYR family of Fe/S cluster biogenesis protein	7.71E-07	66.16	54	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		0	0	0	0	0	950	4927	1220	10462	7782	16050	11934	8470	10504	10284	9105	11995	12517			
ATG01930.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	7.73E-07	2.84	112	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		35681	48843	50445	43131	86758	55041	114885	184303	198819	130794	117083	153587	153127	124747	116553	131197	138128	153975			
ATG27880.1;ATG	Adaptor protein complex AP-2, alpha subunit	7.73E-07	2.83	548	8	8	mpk3 DD	Col-0 KR		572411	610087	430802	418736	514088	468668	134834	106358	241581	184454	205225	256646	199584	187517	187447	170819	172154	147560			
ATG20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	7.75E-07	2.93	387	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD		511181	590137	450198	417768	415278	527810	1692224	1904541	1555870	1524205	902660	961360	1034816	1219087	1366002	1177413	955342	1021371			
AT4G22150.1	PI21 - plant I28K domain-containing protein 3	7.82E-07	2.21	101	2	1	Col-0 DD	mpk3 DD		120331	159644	115999	115444	95698	155460	331147	323053	231646	279059	271880	246915	280994	257612	220272	290048	200101	290965			
ATG03940.1	FTC, S4CP, CPSRP54, SRP54CP - chloroplast signal recognition particle 54 kDa subunit	8.05E-07	3.88	135	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		28213	25873	14698	15154	29619	49153	96277	72931	106476	81490	139657	135124	96613	91713	110995	86841	108400	104201			
AT3G59400.1	GUN4 - enzyme binding;tetrapyrrole binding	8.06E-07	4.36	46	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		34636	36357	26176	27684	33543	26618	77121	54696	109465	92445	221132	151241	117956	146362	144053	121394	145330	131778			
ATG07920.1;ATG	GTP binding Elongation factor Tu family protein	8.41E-07	2.72	704	10	10	Col-0 DD	mpk3 DD		1598936	1726599	1768593	1509506	3530535	3060590	5100903	5146492	5435407	5238466	6778875	6310884	5945242	5897876	5420073	5463710	6943270	6241552			
ATG35390.1;ATG	Phosphoribosylformylglycinamidine family protein	8.58E-07	3.18	115	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		40038	39680	61053	60942	30622	64430	177333	179377	157312	114259	105190	154055	127921	115368	169756	184125	206223	120839			
ATG25690.1;ATG	CHLP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	8.64E-07	2.43	624	10	10	Col-0 DD	mpk3 DD		257530	324572	268690	308675	223694	243790	851702	751529	794741	615851	439111	500714	715552	600401	681845	645272	538988	536162			
AT3G47430.1	PEX11B - peroxin 11B	8.72E-07	6.14	51	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		574	803	1523	1440	1695	2159	6492	7052	3593	8045	8295	3418	8316	10607	8788	6269	6908	9441			
ATG66760.1;ATG	SDH1-1 - succinate dehydrogenase 1-1	8.91E-07	3.65	211	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		24560	20775	36538	32627	70856	53205	98876	114194	110468	153090	126038	143141	129249	160070	171462	134242	135925	139753			
ATG10920.2;ATG	MSD1 - manganese superoxide dismutase 1	8.93E-07	6.18	114	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		9349	13399	4206	3016	7711	6485	20189	18877	30740	35449	31803	56096	38661	42577	47402	47420	46393	50345			
ATG54880.1;ATG	LHCA1 - photosystem I light harvesting complex gene 1	9.45E-07	5.15	111	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		54886	75157	27214	24221	18637	45844	162679	128031	227379	187573	250280	310905	175455	176363	141635	172508	179109	169610			
ATG22510.1	INV-E, AI-A/N-OP3 - alkaline/neutral invertase	9.57E-07	4.04	322	6	6	Col-0 DD	mpk3 DD		149160	174423	93568	118190	82942	134330	314697	273127	496099	427022	796827	729250	617376	542980	458018	455377	510444	428221			
AT2G46170.1	Reticulon family protein	9.60E-07	13.82	69	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		74178	55362	95952	92331	25856	54488	7097	8624	4912	5528	2125	4784	4380	3841	1189	12036	2599	4765			
AT2G39990.1	EIF2, AtelF3f, eIF3f - eukaryotic translation initiation factor 2	9.66E-07	3.15	271	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		456732	431006	226065	206056	252067	278660	830391	602458	1242981	824460	1169105	1071765	1059421	830366	883458	965963	892651	1192535			
ATG25100.2;ATG	Endomembrane protein 70 protein family	9.79E-07	4.40	196	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD		25506	27147	17846	19839	8737	11251	80543	51616	126780	82175	68482	97619	90998	76311	71186	61268	103801	57084			
AT3G06930.1	ATPMMT4B, PMMT4B - protein arginine methyltransferase 4B	9.87E-07	4.31	268	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		17011	11784	9245	9438	13713	10588	28819	20727	50530	45285	56716	49780	61111	49799	67537	55891	40696	34370			
AT3G08740.1	elongation factor P (EF-P) family protein	9.91E-07	10.78	90	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		7538	7420	1538	721	1438	6345	32644	37756	51559	35579	36373	46101	47290	43866	50930	43528	44691	39069			
AT1G10425.1	unknown protein	9.93E-07	297.05	66	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		16	0	193	207	49	111	20288	6150	20708	39026	38706	14941	30193	38534	35031	16636	35822				
AT2G46680.1	AIR9 - Outer arm dynein light chain 1 protein	9.96E-07	8.41	62	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		99483	100907	117889	105220	104915	99381	14193	13325	16724	16429	13149	2118	13462	14070	10841	15831	6435	14039			
AT4G08860.1	ATOD21, ATOD1 - Protein of unknown function (DUF1138)	1.00E-06	2.71	64	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		21778	21110	26854	20419	32379	31813	61895	67734	98270	50260	56493	40968	70022	64569	70383	76010	73769	64170			
AT1G01090.1;ATG	PSD5, CSN7, CSN7 - Proteasome component (PCI) domain protein	1.01E-06	3.91	99	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		30016	21440	11023	10622	21965	17319	67341	45496	92627	60525	59859	87629	73741	68854	87368	74240	51229	78315			
ATG11750.1	FOLB1 - Dihydroneopterin aldolase	1.02E-06	12.45	81	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		402	868	515	850	1062	572	4782	3769	3112	8403	17416	14698	4163	7585	12899	13385	5268	9847			
AT4G30930.1	NFD1 - Ribosomal protein L21	1.04E-06	18.19	99	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		2818	7651	4854	6377	354	4832	66875	100781	75976	67471	55185	43575	63762	62709	74522	128906	99303	59991			
ATG01510.1	LSF1 - like SEX4 1	1.05E-06	3.05	93	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		41057	31432	28466	32731	42397	43959	105480	96244	140930	92353	115761	120125	116831	117309	103495	105056	54845	75952			
AT1G54640.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	1.06E-06	3.61	102	2	1	Col-0 DD	mpk3 DD		3886	1866	5756	6871	3379	5498	18318	16742	19408	17808	13102	13084	18840	17995	17783	13894	13937	14130			
AT1G29310.1;ATG	SecY protein transport family protein	1.07E-06	20.50	122	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		1350	299	258	208	150	587	4922	2500	13050	8096	16611	13278	10888	4797	4030	3940	5605	4072			
ATG11750.1;ATG	CLPP6, NCLP91, NCLP96 - CLP protease proteolytic subunit 6	1.09E-06	2.49	340	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD		376067	403020	400787	390919	613009	620505	820556	835998	1061738	870839	1328831	1362566	1058697	1112575	1151070	1108845	1389008	1164714			
AT1G08800.1	Protein of unknown function, DUF593	1.09E-06	6.05	102	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		18055	19811	14519	18936	21330	18074	85165	64995	82160	162459	64408	211150	63011	147909	65594	65678	87502	60218			
AT1G14810.1	semialdehyde dehydrogenase family protein	1.11E-06	4.17	248	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		33072	20657	18978	29136	43683	24941	56668	45631	91317	96538	104093	133144	130674	116287	129206	124479	104908	104900			
AT2G38010.1	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase	1.11E-06	3.19	126	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		28837	24270	34943	38059	60625	49302	98338	92257	112106	99952	118610	151101	95141	116612	174888	139567	127863	98231			
AT2G28360.1	SIP4 phosphatase 2C-related family protein	1.11E-06	6.47	152	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		12270	18415	15959	28330	31563	22277	88205	216920	164676	95882	71604	95559	113617	114894	123796	113042	71071	55277			
ATG00420.1	NDH1 - NADH dehydrogenase subunit J	1.16E-06	13.34	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		97970	101073	48127	73688	71639	62399	3601	5784	5863	7142	9814	5108	5108	2282	5695	1859	5979	19620			
AT4G16390.1	SVR7 - pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	1.18E-06	3.93	60	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		146159	186740	169111	177387	123962	183288	68878	46683	16452	37405	35272	48851	60828	41939	37080	36480	42475	31981			
AT1G18680.1	SH3 domain-containing protein	1.19E-06	4.81	99	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		58787	55376	98609	114892	62716	66242	460353	520884	413297	353244	220931	239713	202067	277733	261542	242661	136339	214553			
AT4G32760.1	ENTH/VHS/GAT family protein	1.25E-06	4.03	57	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		25018	36714	32263	25668	41038	53823	12524	14323	13798	9667	6475	17327	10064	8897	6048	10024	8876	9271			
ATG10050.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	1.27E-06	5.12	155	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD		43885	39534	44083	62541	49642	66527	6802	4056	7925	9896	8522	22610	15288	18574	13316	13451	15052	11970			
ATG62140.1	unknown protein	1.27E-06	58.89	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		464	10	103	66	539	17	5736	3581	8057	6550	16656	20892	14983	15721	13044	10169	18459	10031			
ATG55450.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	1.28E-06	4.98	55	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		6808	10140	10334	7904	10441	10255	2269	1099	1283	2922	1226	2427	2133	2956	5118	4095	2477	2123			
AT3G27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	1.33E-06	5.86	160	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		12405	12945	13896	9852	41082	35313	73099	73048	80809	77002	65855	42929	89362	99530	135427	146080	135589	129137			
ATG20970.1	unknown protein	1.35E-06	4.63	76	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		35991	26666	27092	35945	35281	57247	277750	172021	209205	150491	103798	96612	149821	161007	154428	153045	92291	91048			
AT2G29550.1	TUB7 - tubulin beta-7 chain	1.35E-06	9.28	1668	23	1	Col-0 DD	mpk3 DD		24848	15923	32669	22266	26500	28801	1703	4068	982	4945	3022	4264	3357	1463	1622	5645	3769				
ATG01780.1	TPLATE - ARM repeat superfamily protein	1.35E-06	2.47	51	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		75236	82773	83512	97681	88286	74009	267454	283894	198285	167448	155436	163781	155552	157372	184827	194896	136733	142399			
ATG08190.1	ATVPS41, ZIP2, VPS41, ATVAM2, VAM2 - vacuolar protein sorting 41	1.38E-06	3.69	53	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		18892	13938	22564	17415	26604	24546	98206	106023	96473	59891	47493	49163	50090	55133	79509	65274	60389	51844			
AT4G28030.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	1.39E-06	2.30	42	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		234861	229387	213363	170395	236163	159390	326183	355319	122223	67961	85723	90331	98855	108643	94250	81408	113620	59980			
AT4G20720.1	dentin sialophosphoprotein-related	1.47E-06	4.92	285	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD		94487	46259	85788	55134	53224	54382	491561	445076	361849	267500	177341	171119	274252	235998	225043	236918	174163	178120			
ATG05000.1	Transport protein particle (TRAPP) component	1.50E-06	2.11	64	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		91176	87948	77803	70097	89794	87216	31308	32995	43968	41537	46220	42676	54795	41216	33995	34441	52276	33307			
ATG27730.1	copper ion binding	1.62E-06	4.70	183	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		12397	9820	15267	14063	19295	16011	61047	51886	31890	48538	98130	75778	54471	13285	65506	93141	94736	63730	57642		
ATG58220.3;ATG	TTL - transthyretin-like protein	1.65E-06	2.63	277	4	2	mpk3 DD	Col-0 KR		261100	241042	223025	211561	376839	248403	64900	89858	90351	132340	103593	132193	126970	85037	111035	105392	83646	81284			
ATG15690.1;ATG	AVP1, ATAVP1, AVP-3, AVHP1;1 - inorganic H pyrophosphatase family protein	1.67E-06	3.81	707	9	9	Col-0 DD	mpk3 DD		448339	486117	202352	201327	364228	336214	796578	835974	1411850	1205252	1712165	1801187	1214018	1256428	1240798	1095684	1019514	1004254			
ATG02760.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.69E-06	4.47	159	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD		22412	21383	14334	12025	11044	16652	27254	40297	85416	74887	79841	85162	56360	58954	71271	68459	80088	92751			
AT3G26520.1	TIP2, SITIP, GAMMA-TIP2, TIP1;2 - tonoplast intrinsic protein 2	1.70E-06	3.58	104	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		225773	253558	117418	106069	131886	136295	347661	490295	751979	524087	788467	571133	509899	514530	496415	734409	554782	389428			
AT4G28440.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	1.76E-06	3.48	43	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		6480	2547	3928	3509	5676	5436	12342	14188	20775	11147	21846	15740	15347	10755	14625	13996	14104	22428			
AT4G15545.1	unknown protein	1.78E-06	2.48	1181	15	15	Col-0 DD	mpk3 DD		3686850	5025418	6169391	7125869	4979240	6128469	16543238	16997828	14482838	12916584	10320685	10773048	10655446	10615288	10817385	11708122	8683416	9829486			
AT3G22110.1	PAC1 - 20S proteasome alpha subunit C1	1.79E-06	10.21	97	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		9371	6599	2149	1100	10467	7883	30333	29834	51479	56445	51589	61120	68015	62389	55069	55036	85537	57564			
ATG54950.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	1.80E-06	2.65	62	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		58393	69092	93980	104104	57552	88515	48336	33532	41726	32502	32535	32403	25355	34082	26022	39158	25404	27845			
ATG27560.1	Domain of unknown function (DUF1995)	1.87E-06	448.41	64	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD		14022	10815	13978	8790	5676	4304	0	0	0	4	125	0	0	0	337	0	0	0			
AT1G23400.1	FIB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	1.88E-06	3.01	65	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		32950	33388	26290	23517	61330	48642	86566	98594	99638	79768	126509	88404	94893	106071	101346	107871	144994	130935			
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	1.88E-06	2.66	164	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD		395138	357150	406846	450051	296968	394491	1470130	1372652	1087514	749997	723239	724857	885964	875389	899802	819514	852887	818097			
ATG67700.1;ATG	unknown protein	1.89E-06	2.98	66	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD		40280	42848	38338	28811	60417	60036	90973	113282	190725	99799	160233	139278	131107	122965	118750	109355	136150	189330			
AT2G45120.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, putative	1.97E-06	3.11	211	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR		423408	413233	363506	356579	437577	429615	84823	177048	143057	116252	104776	140976	74907	127169	241988	123367	118012	92865			
ATG51605.1	GRF5, GF14 UPSILON - general regulatory factor 5	1.98E-06	4.30	386	7	3	Col-0 DD	mpk3 DD		54204	58729	18258	21037	38654	38804	113635	95969	104750	115553	223191	180765	172679	144298	159956	158516	170354	181547			
AT1G72640.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1.99E-06	3.63	147	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		21872	26080	23935	19145	10910	17784	108126	72406	62790	53945	73630	63634	54617	49336	39583	49997	28027	54337			
ATG52870.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	2.00E-06	3.17	53	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		114081	103574	92823	77596	71929	104659	357921	387801	279656	246252	178406	217734	112354	112414	274438	157198	254493				
AT2G04410.1	RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	2.00E-06	4.98	127	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		19794	26582	17297	11047	11607	24606	104449	74190	152152	94858	55946	70931	94400	75842	67849	83636	55601	37544			
AT1G16270.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	2.02E-06	5.07	46	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		177155	169530	229382	230894	145551	188955	55595	57031	53974	26421	49131	17218	50798	23390	32322	21055	44126	53488			
ATG65410.1	ATPAP25, ZFHD2, PAP25 - homeobox protein 25	2.08E-06	2.95	272	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD		732575	919976	626478	878716	912940	1792684	3543140	2525774	2234344	1728293	1899123	1815974	1312354	1213586	1875584	1875384	1884319	1289870			
AT2G47910.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	2.11E-06	2.52	245	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD		98258	113760	90734	105741	82993	119293	181903	250423	202647	349528	330192	253466	244187	228286	276394	223095	337991				
AT4G24830.2;ATG	CRR6 - chlororespiratory reduction 6	2.11E-06	3.35	256	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		61782	47753	33934	18428	39775	56574	142710	98615	167136	95503	111901	148373	151429	142485	149196	150900	139698	132537			
AT4G13670.1	arginosuccinate synthase family	2.15E-06	3.37	279	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD		101389	108339	193341	182374	174014	208846	408791	497136	319696	280128	284535	304207	274907	127169	241988	123367	118012	92865			
AT2G17790.1	VPS35A, ZIP3 - VPS35 homolog A	2.29E-06	2.45	1153	17	17	Col-0 DD	mpk3 DD		58414	62520	48375	43067	50587	42083	18153	17147	21806	27561	30578	30634	25157	19948	24745	19642	18440	16591			
AT1G07110.1;ATG	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	2.29E-06	2.17	893	14	14	Col-0 DD	mpk3 DD		1255223	1097655	959784	893382	862173	1092689	2670004	2653862	2507770	1870022	1778560	1917828	1838641	1736108	1947746	1829269	1554157	1294449			
ATG53620.1	unknown protein	2.30E-06	23.06	58	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		376	36	325	112	529	70	571	1633	2146	4387	3429	3761	5435	4889	6330	6143	5777	4797			
ATG51770.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	2.31E-06	2.15	505	8	8	Col-0 DD	mpk3 DD		329598	334322	330723	374360	293214	293951	940167	876568	626305	579662	570353	607823	794737	640261	744308	708521	534355	514104			
AT2G35840.1	Sucrose-6F-phosphate phosphohydrolase family protein	2.34E-06	4.02	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD		19765	13065	13338	10457	12192	8890	56519	66011	63967	35502	44767	45369	42944	27420	73993	42095	79557	32697			
AT2G20760.1	Clathrin light chain protein	2.45E-06	3.24	91	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		287726	294544	405758	400384	356023	288474	136812	123663	88557	119190	68247	91180	178669	106908	111631	85344	183798	81405			
AT4G26580.1	Aldolase superfamily protein	2.46E-06	7.19	102	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		21057	32909	22608	17037	11631	20358	29194	73903	110978	156364	128322	144132	48547	132534	97494	139824	166472	200021			
AT3G07460.2;ATG	Protein of unknown function, DUF538	2.56E-06	3.52	130	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD		30974	30714	41450	50211	46814	39033	78152	93649	137424	101377	269583	162702	139133	150275	140007	129168	110166	157009			
ATG29370.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	2.56E-06	513.72	553	8	1	Col-0 DD	mpk3 DD		177	524	0	645	0	0	134676	147719	111332	119728	95228	82526	81731	115575	143020	115634	37365	74395			
AT2G16530.1	LOS2, ENO2 - Enolase	2.57E-06	2.78	123	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD		27860	31786	19619	35841	27557	54020	91650	96623	90365	55257	72619	117850	88421	81343	87038	86422	102441	98642			
ATG51630.1	AAE5 - acyl activating enzyme 5	2.57E-06	7.47	40	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR		4762	2623	8875	1803	8221	6660	26198	12976	48099	43827	35164	41775	27379	43717	59435	36696	42293	36492			
ATG41590.1;ATG	CAT2 - catalase 2	2.58E-06	2

| | | |

Tabelle1

ATG1G71130.1	NIA2, B2D, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNI2 - nitrate reductase 2	1.92E-05	2.40	1672	26	25	Col-0 DD	mpk3 DD	18338412	16776657	16798315	15624400	18226744	13360950	53037502	51423886	40294644	40844332	23976765	28815196	43980326	36432666	40547537	35360470	28621530	25605754
AT4G35450.1;AT4G	AKR2, AFT, AKR2A - ankyrin repeat-containing protein 2	1.92E-05	2.54	272	5	4	Col-0 KR	mpk3 DD	178439	171238	194539	175318	231681	256752	435720	448386	33905	519543	608973	347393	436873	502849	403015	364917	347781	870350	581558
AT5G49460.1	ACLB-2 - ATP citrate lyase subunit B 2	1.93E-05	2.87	371	5	1	Col-0 DD	mpk3 DD	26702	32089	10909	15053	30801	31023	71715	61797	64349	59135	88083	76101	45902	40706	48996	52168	46984	43708
AT4G24680.1	MOS1 - modifier of snc1	1.93E-05	4.93	179	2	1	Col-0 DD	mpk3 DD	35322	39228	6852	9515	33585	13413	152090	121467	125305	99118	95843	86351	103652	94842	109013	102525	52779	74333
AT5G65960.1	GTP binding	1.94E-05	4.34	131	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	8020	7015	18620	12086	14423	10685	58381	56719	58575	71931	26076	35741	50634	36201	41235	41144	19264	21816
AT3G17170.1	RFC3 - Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	1.94E-05	7.64	141	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	8286	8835	7326	6505	15134	11199	73624	122848	54328	21314	20152	46402	91730	75341	83891	25474	69495	91542
AT5G19210.1	CRR7 - chloroplast RNA editing factor 7	1.94E-05	2.66	93	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	34654	40937	38930	43873	66563	86029	204317	166789	104327	115466	104339	131052	95316	109315	133198	121869	109620	132751
AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	1.96E-05	2.10	570	8	8	Col-0 DD	mpk3 DD	247111	248408	143797	152639	198425	176893	354020	290798	427946	346923	559624	475233	451511	370015	375110	337347	370807	330954
AT4G17990.2	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	1.99E-05	6.18	210	3	2	Col-0 DD	mpk3 DD	1863	1940	2664	2121	1100	2701	9630	13872	15091	17841	13983	2496	14419	12545	11173	14108	9070	6605
AT3G50820.2	PSBO2, PSBO-2, OEC33 - photosystem II subunit O-2	2.00E-05	16.88	164	3	1	Col-0 DD	mpk3 DD	7179	7182	138	2664	6895	6019	98431	84801	80435	59202	110854	74072	62512	64453	94582	76153	43195	95216
AT5G05850.1	MAR1 - Transketolase family protein	2.05E-05	174.16	67	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	108298	112191	106488	107531	62918	91042	477	28	1	1078	932	863	1464	1633	385	1366	681	2074
AT3G52300.1;AT3G	ATPQ - ATP synthase D chain, mitochondrial	2.14E-05	5.05	50	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	6829	3948	7495	1324	5668	10409	28031	26885	44448	18042	16448	19240	22092	28769	40544	26686	32804	29238
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, MEE54 - phospholipase D gamma 1	2.19E-05	2.04	52	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	40132	37822	34984	29538	54676	40616	13882	17605	16281	23410	22799	27995	21108	19227	19112	21915	18155	16912
AT5G06030.1;AT5G	HSP81-2, ERD8, HSP81.2 - heat shock protein 81-2	2.19E-05	3.72	1270	16	1	Col-0 DD	mpk3 DD	7796	7957	4565	6372	23416	19097	46829	49909	44768	30603	38891	45480	42054	33218	51897	28567	44439	28790
AT5G57290.1;AT5G	60S acidic ribosomal protein family	2.28E-05	3.38	326	5	5	mpk3 DD	Col-0 DD	1128269	1070608	2580355	2181587	1624027	1518812	337226	1303111	426233	721489	560882	415990	673271	368427	499186	553733	977811	374443
AT3G11070.1	Outer membrane OMP85 family protein	2.29E-05	3.41	47	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	37259	30481	19719	20034	33383	28969	131795	137897	92244	106475	52559	58658	88607	103677	116906	116854	49535	71336
AT2G20890.1	PSB29, THF1 - photosystem II reaction center PSB29 protein	2.40E-05	6.01	241	4	4	Col-0 DD	mpk3 DD	266708	216778	79602	56346	606691	61807	435099	210328	979599	681248	1202021	951060	782701	570888	575104	727655	876948	847775
AT5G19550.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	2.41E-05	3.79	116	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	9770	13965	8496	9152	11044	9870	20928	22379	41060	65011	59691	53507	37543	39133	41127	19038	45608	
AT3G53130.1	LUT1, CYP97C1 - Cytochrome P450 superfamily protein	2.47E-05	3.29	50	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5112	11531	2444	5754	3102	6752	15093	15759	18010	12014	21563	29441	16157	21063	20412	15741	20005	20846
AT1G19570.1	DHAR1, ATDHAR1, DHAR5 - dehydroascorbate reductase	2.54E-05	2.06	66	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	66283	84047	61419	67087	55263	71271	27740	23885	34937	31148	48262	30943	42728	41085	36792	40477	36901	24220
AT4G10730.1	Protein kinase superfamily protein	2.58E-05	4.97	42	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1163	2636	751	1861	3027	2341	8273	14243	13885	10465	8192	4514	6720	12442	7590	9972	5969	4015
AT3G61140.1	FUS6, ATFUS6, CSN1, COP11, EMB78, ATSK31, SK31 - 26S proteasome, meuiatory subunit Rpn7-Proteasome	2.65E-05	2.74	99	2	1	mpk3 DD	Col-0 KR	98750	86430	61578	86893	64589	136394	33139	35479	22943	26581	47056	29838	44170	32319	55447	34653	27054	46081
AT1G33810.1	unknown protein	2.70E-05	5.67	76	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3067	5046	2582	916	3764	4928	10140	25176	34635	16036	10057	19115	12265	30806	19112	10540	14115	21778
AT5G48880.1;AT5G	PKT1, KAT5 - peroxisomal 3-keto-acyl-CoA thiolase 2	2.84E-05	2.60	237	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	44240	52098	83265	82163	52226	63979	102252	96422	84593	95890	156052	173152	133505	142423	175948	152356	226011	153046
ATCG00500.1	ACCD - acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	2.85E-05	2.11	406	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	315863	361779	288952	286526	296841	263024	114838	113950	143639	133850	240770	221047	139255	139119	125163	179993	134155	142106
AT1G79650.1;AT1G	RAD23, RAD23B - Rad23 UV excision repair protein family	2.88E-05	2.26	154	3	2	Col-0 KR	mpk3 DD	240359	209648	260698	239578	295389	249501	516193	583434	877492	503229	430088	419688	549611	493734	671257	463214	822957	380510
AT1G59610.1;AT1G	ADL1, CFL1, DRP1A, DL3 - dynamin-like 3	2.89E-05	Infinity	53	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	1318	1159	406	820	827	1893	0	0	0	0	0	0	188	0	0	0	369	0
AT1G54270.1;AT1G	EIF4A-2 - eIF4a-2	2.90E-05	2.28	688	9	2	mpk3 DD	Col-0 KR	229048	307110	250196	346534	290932	457856	115176	108393	172579	118403	177468	205751	148625	148051	108821	114004	154897	150683
AT4G01810.1;AT4G	ADY1, AtcysSeaA, SECA1 - Albino or Glassy Yellow 1	2.92E-05	2.02	491	7	7	mpk3 DD	Col-0 KR	473599	542705	402754	474523	531844	456835	206124	322174	255621	263355	356683	386713	268794	229777	293985	253683	208274	170985
AT1G20020.1	Mannose-binding lectin superfamily protein	2.92E-05	3.17	136	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	10546	12215	11180	10263	31197	24555	27615	34181	27362	31489	23596	27021	42340	41141	58285	59899	69175	45851
AT3G01660.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	2.93E-05	2.11	42	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	44138	48568	55245	43615	73179	43400	67035	64445	78830	77408	103107	109041	113301	104081	89641	91953	139540	110213
AT1G11790.1	ADT1 - arogenate dehydratase 1	2.94E-05	4.69	179	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	9919	12966	4238	8224	5219	10475	23010	15930	24623	44623	33154	68301	58276	40555	41310	45860	20786	32519
AT2G56710.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	3.02E-05	7.11	44	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	3557	2522	7051	4175	12360	8965	78566	54984	27661	45667	11227	56603	64407	46399	24607	23707	43848	51526
AT4G01040.1	unknown protein	3.10E-05	9.19	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	55323	86472	27655	43966	13384	40652	2312	2866	5321	9927	14279	7863	2561	3989	7787	6659	3228	4886
AT1G04350.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	3.13E-05	88.63	49	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	4560	5818	997	1756	798	2751	294	0	0	10	0	0	188	0	0	0	0	0
AT3G16470.1;AT3G	JR1 - Mannose-binding lectin superfamily protein	3.24E-05	4.82	196	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	35740	31130	17532	16449	39002	39659	115913	65714	81409	61282	75563	256088	191508	215551	117295	116375	88559	136462
AT1G01910.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	3.40E-05	2.73	44	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	13765	12697	95105	73896	90462	69975	23783	52152	52152	43895	49516	30540	48052	36988	35412	24139	25375	47609
AT5G03040.1	iqd2 - IQ-domain 2	3.41E-05	518.31	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	27525	26542	38579	41538	27379	29492	765	919	0	457	0	345	0	0	0	369	0	0
AT4G29130.1;AT4G	ATHKX1, GIN2, HXK1 - hexokinase 1	3.43E-05	3.01	258	5	2	Col-0 DD	mpk3 DD	31963	36031	21234	20273	35967	30605	56137	45683	93249	73281	123324	138462	72111	90926	94147	74427	58758	81775
AT1G06700.1;AT1G	Protein kinase superfamily protein	3.44E-05	2.55	134	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	17666	18098	6514	10636	15259	13336	38949	35686	40872	38320	25717	28345	34997	28322	25382	27375	20800	29083
AT2G47400.1	CP12-1, CP12 - CP12 domain-containing protein 1	3.46E-05	2.23	297	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	538959	588312	513756	506210	300319	359860	1530721	1195265	1089028	973261	718583	758576	1041640	982731	912363	1042804	912910	812826
AT4G36730.1;AT4G	GBF1 - G-box binding factor 1	3.54E-05	2.78	208	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	63241	60855	109806	92606	81564	80431	272665	320527	236583	229904	138550	158239	132662	159626	198727	202547	109223	138789
AT5G05100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	3.56E-05	3.04	94	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	12739	17312	10353	29933	37863	31176	58488	56265	63622	54357	62698	72442	42954	67338	98002	81386	106453	89110
AT3G48590.1;AT3G	HAPSA, ATHAPSA, NF-YC1 - nuclear factor Y, subunit C1	3.65E-05	7.50	275	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	51692	42401	49911	29055	62507	47753	1558	3969	6857	6401	32837	2746	4905	6575	5696	5540	6771	8273
AT1G12410.1	CLPR2, NCLP92, CLP2 - CLP protease proteolytic subunit 2	3.76E-05	2.35	531	7	6	Col-0 KR	mpk3 DD	1886603	1769099	1217245	1134287	1205163	1395660	2633103	1744942	3801487	2927880	4557079	4088019	4081281	3014977	2788944	3336812	3131302	3876417
AT1G29530.1	unknown protein	3.76E-05	4.88	82	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	13904	13077	11653	22316	12736	13223	121641	106171	90173	93665	39843	29485	61139	35824	49890	34082	67601	53827
AT5G61780.1	Tudor/, AtTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	3.88E-05	3.33	294	5	3	mpk3 DD	Col-0 KR	157981	218866	331101	336236	84964	186990	77203	69459	78849	67530	54283	53472	56231	67288	70430	97171	83425	62820
AT2G20260.1;AT4G	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	3.95E-05	2.27	59	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	28992	23728	47848	34191	50105	38727	55589	67233	75718	95977	71645	82903	83053	75859	129459	77859	69556	72610
AT2G07301.1	Protein kinase family with with ARM repeat domain	3.95E-05	2.16	405	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	607830	708602	879448	890774	595478	682566	562309	579031	553162	590184	509485	547257	549653	315786	389857	370715	308711	271343
AT4G38630.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	3.98E-05	2.44	324	5	5	Col-0 KR	mpk3 DD	88995	87925	109057	118801	116518	108244	160766	163742	179993	131939	304532	198256	204089	208967	239451	199349	220969	261679
AT4G27090.1;AT2G	Ribosomal protein L14	4.02E-05	4.39	85	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5530	2507	6759	8038	9203	10636	19522	47897	15288	37217	32572	34834	14256	27398	30326	34943	23916	19206
AT2G43160.1	ENTH/VHS family protein	4.04E-05	2.63	326	5	5	Col-0 DD	mpk3 DD	75923	96601	113490	103340	120761	114333	383333	312646	344407	226943	186218	189503	277620	208000	181384	190498	192374	126322
AT1G04620.1	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	4.07E-05	3.37	51	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5321	18635	28790	18303	20700	17528	69700	54209	68687	47595	61680	66566	46862	64600	66149	57672	35517	39367
AT2G32450.1;AT3G	Calcium-binding tetratricopeptide family protein	4.15E-05	59.94	63	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	80	231	7	140	434	0	10028	12678	7534	11294	2242	9665	2162	10714	10702	11097	9181	2681
AT1G50310.1;AT1G	Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	4.16E-05	2.75	158	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	31020	31763	17007	17157	32328	26136	44185	45126	79359	73627	85226	100586	76117	65422	74395	63427	42615	54031
AT4G29290.1;AT2G	Pyruvate kinase family protein	4.16E-05	6.62	45	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1334	1480	342	1040	4102	4945	6307	16514	7636	10613	19647	14476	18051	13982	15485	7696	13937	18594
AT5G46860.1	VAM3, ATVAM3, SYP22, ATSYP22, SGR3 - Syntaxin/t-SNARE family protein	4.19E-05	22.28	48	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2702	2397	3235	1954	4006	2035	61589	75794	116535	11979	93763	4078	33309	20400	54233	44172	54631	57877
AT2G21620.1;AT2G	RD2 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	4.22E-05	2.30	95	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	33475	45365	20162	35211	44741	47526	121018	81317	81991	75814	78570	83139	86932	71203	86760	76511	56570	55408
AT1G05230.1	HDG2 - homeodomain GLABROUS 2	4.22E-05	10.31	75	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3250	1825	572	120	4577	408	24284	15603	24840	24120	9914	12043	22961	20976	11016	11390	10117	13010
AT1G22410.1;AT4G	Class-II DAHP synthetase family protein	4.31E-05	2.30	206	3	1	Col-0 KR	mpk3 DD	87485	78429	80973	75466	138571	111752	112508	161580	138653	154420	153024	229772	229847	198701	184634	209690	311989	181744
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	4.39E-05	2.06	144	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	148672	154573	93505	94309	160305	131356	293049	289746	302026	293246	194912	240107	237125	262165	265914	228298	201321	160813
AT4G01420.1	SSL4, ATSSL4 - strictosidine synthase-like 4	4.45E-05	75.36	66	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	702	810	0	36	0	124	11397	8591	17095	24336	32138	30993	11895	17075	9443	12751	9179	18075
AT1G08250.1;AT3G	ADT6 - arogenate dehydratase 6	4.48E-05	2.32	269	3	2	Col-0 KR	mpk3 DD	111769	140374	69360	109639	99837	114750	165412	157228	246270	218753	288743	413085	221504	229967	231935	247845	294491	274726
AT4G02480.1	AAA-type ATPase family protein	4.53E-05	2.70	46	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	14783	17118	18498	9310	11816	7300	35800	28175	31745	28407	51739	36920	26615	28096	31863	28051	16358	25263
AT4G14730.1	ribosome-binding factor A family protein	4.55E-05	3.17	89	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	173743	189065	180490	182537	184866	330700	182588	195617	176899	170374	105846	152055	76763	120952	172149	143168	119795	113128
AT3G14180.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	4.57E-05	2.50	52	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	6190	9513	9743	8337	23244	16324	39687	26537	31334	31792	25101	23627	30835	30666	30665	37152	28326	25835
AT4G12830.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	4.57E-05	6.84	72	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	97012	88961	130353	91909	111190	164572	26464	13529	27311	20382	6628	5621	5214	12263	34104	44827	11432	16787
AT5G08590.1	ASK2, SNRK2-1, SNRK2.1, SRK2G - SNF1-related protein kinase 2.1	4.61E-05	961.98	82	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	197633	211592	143058	157887	112350	165481	8	1227	3547	73	74	0	0	15	542	375	0	95
AT1G72040.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	4.88E-05	2.14	41	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	11327	14083	16136	11601	14156	10818	31096	36753	32429	21262	23305	20342	16179	15793	22494	23991	20683	18279
AT5G58310.1	ATMES18, MES18 - methyl esterase 18	4.89E-05	3.12	153	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	47835	56041	63537	116030	61526	82420	151027	185889	179199	207749	277252	254533	281159	238413	131193	289961	103768	288849
AT5G16730.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	4.92E-05	4.97	87	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	17367	15570	11758	6999	13859	15411	89396	102566	41015	86969	44495	38294	47515	58655	45314	57791	15115	54186
AT3G26060.1;AT3G	ATPPA Q - Thiaminase-2/PQQ dh superfamily protein	5.00E-05	5.93	66	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1864	1975	895	373	2453	1350	5137	3174	8902	16541	7040	6017	9169	5266	10729	14462	7645	5544
AT4G13930.1	SHM4 - serine hydroxymethyltransferase 4	5.10E-05	2.93	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	40678	48708	97834	104393	49418	56279	21993	16788	26365	19904	20479	27853	27079	17298	20630	19124	37216	33006
AT5G58410.1	HEAT/U-box domain-containing protein	5.10E-05	4.91	52	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	19184	22403	13861	15057	12265	15194	3431	2587	1988	7122	3668	1172	2335	9183	2712	4985	2236	5318
AT4G01080.1;AT4G	Protein of unknown function (DUF2296)	5.17E-05	4.28	58	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	7670	19417	1522	2684	6636	5451	32198	25026	32805	29049	17258	23644	28903	21506	26140	33207	15570	17505
AT1G21750.1;ATG	ATPDIL1-1, ATPDIS, PDIS, PDIL1-1 - PDI-like 1-1	5.21E-05	2.24	109	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	25125	17125	26163	33670	32597	32504	72692	55898	70807	50229	35585	48186	56522	68432	61706	51606	83582	53117
AT3G47390.1	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	5.23E-05	4.48	48	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	16546	19102	20004	8312	17641	13746	107209	136744	55586	35301	55501	37263	50950	38241	44220	43399	30207	31576
AT5G49020.2	ATPHYTAL, PHYTAL - protein arginine methyltransferase 4A	5.26E-05	2.23	169	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	60161	61446	25890	32035	35333	41733	73252	79805	76800	68319	77723	88215	96866	86546	86841	99292	83295	116146	121001
AT1G22060.1	unknown protein	5.47E-05	194.64	83	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	19223	15401	9127	7663	15954	9935	0	0	464	800	0	0	397	0	0	0	0	0
AT3G26900.1	SKL1, ATSKL1 - shikimate kinase like 1	5.54E-05	2.09	60	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	13445	24307	30968	26903	26391	24280	10347	11856	16543	14161	16069	10442	11681	10514	16770	20760	19448	16796
AT1G53420.1;ATG	PP2A, PP2, PP2-2 - plasma membrane intrinsic protein 2A	5.61E-05	2.43	221	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	1977017	1810716	1625554	1507294	2919603	2093829	675020	798909	758622	1245840	1191382	1370509	548229	960841	1011666	771351	902807	761332
AT3G19940.1	ATPEN2, PEN2 - PTEN 2	5.61E-05	2.53	865	11	11	Col-0 DD	mpk3 DD	1131949	1279522	1467747	1381560	1173574	1173562	4567050	4155560	3362601	3264968	2138726	2253411	3143259	3086210	2893451	2709669	1833168	1594051
AT5G43470.1	RPP8, HRT, RCY1 - Disease resistance protein (CC-NBS-LRR class) family	5.74E-05	3.20	49	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	40488	42194	29282	26607	33704	30657	7734	4427	16339	12904	13182	19010	12575	12920	12135	9379	9708	6748
AT1G17850.1	Protein kinase superfamily protein	6.07E-05	239.29	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	31193	26274	30197	24893	18669	22418	467	0	0	0	841	322	642	0	0	0	0	0
AT2G25430.1;AT4G	epsin N-terminal homology (ENTH) domain-containing protein / clathrin assembly protein-related	6.09E-05	3.36	203	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	102270	102309	91072	79610	112715	109571	63500	57091	83753	61479	59561	61247	41019	45529	29486	33966	8589	19445
AT4G32610.1	copper ion binding	6.15E-05	2.93	62	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	51574	46555	56931	58874	37913	42919	198982	211797	166517	119295	65808	100336	120110	147744	134901	133571	128106	78555
AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	6.24E-05	2.25	63	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	28496	31494	31234	21851	23540	17624	42691	38356	74828	53036	70168	67476	42896	38473	62339	48293	49590	41724
AT1G07050.1	SPS2 - solanesyl-diphosphate synthase 2	6.32E-05	3.80	49	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	8334	11334	2616	2673	7702	8219	18064	19318	17107	18097	41922	30915	24373	30159	21224	24724	20550	34222
AT3G52950.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bem2 (PB1) domains-containing protein	6.38E-05	8.47	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5675	4723	2381	1199	2202	2956	46964	19308	11919	3524	9955	14966	20241	25298	26986	19095	50356	20094
AT3G47340.1;AT3G	ASN1, DIN6, AT-ASN1 - glutamine-dependent asparagine synthase 1	6.48E-05	5.74	232	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	10423	14535	19125	10079	9875	10931	28528	28412	60801	34863	95349	66321	60691	172719	66748	60940	40111	29134
AT5G21170.1	AtNBET4-1 - S-/AHA-acetylation and protein kinase beta-2 subunit protein	6.70E-05	2.27	55	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	212612	216642	266739	192211	272684	138800	215910	687430	418814	375194	313945	416364	421748	417859	501436	441827	442381	395866
AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	6.84E-05	2.15	133	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	179603	170780	120977	121886	138202	161883	375429	348934	246740	277920	426088	247668	227411	289705	292007	438131	210262	245831
AT1G09270.1	IMPA-4 - importin alpha isoform 4	6.96E-05	2.84	100	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	44583	61962	37959	45381	56444	61589	23985	21242	7160	17638	17128	21252	10096	19756	25512	22846	16676	20736
AT1G17730

AT1G43190.1	PTB3 - polypyrimidine-tract-binding protein 3	0.00011614	4.81	77	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	1416	4128	5313	3445	4764	5389	8382	17478	19928	24748	18623	28512	9641	21194	23378	25763	5957	15962
AT1G52400.1;AT1G	BGL1, BGLU18, ATBG1 - beta glucosidase 18	0.00011684	2.21	207	3	3	Col-0 KR	mpk3 KR	83278	80225	96211	89014	176208	156330	190130	93782	100576	110034	103418	163973	157612	260738	313601	260417	203844	257494	285195
AT5G61500.1	ATATG3, ATG3 - autophagy 3 (APG3)	0.00017383	3.40	51	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	33276	33235	17303	10508	16910	17986	88938	92953	92222	64760	36071	63276	57913	60963	64223	64781	33479	33394
AT5G39740.1	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	0.00017854	2.18	1237	16	2	Col-0 OD	mpk3 DD	645393	654400	1356470	1191850	761979	833251	2379416	2705546	1961130	1773642	1473367	1573044	2050364	1452206	1679454	1798985	2305753	1363834
AT2G06850.1	EXO7-A1, EXT, XTH4 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 4	0.00019387	2.97	138	2	1	Col-0 KR	mpk3 KR	81445	65404	33324	24448	76495	70385	83826	97303	209114	154015	194347	214754	174544	177543	191777	170617	174544	155784
AT1G27450.1;ATG	APT1, ATAPT1 - adenine phosphoribosyl transferase 1	0.00024798	4.31	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1341	959	2191	890	2237	2421	7767	7523	2575	1786	7618	5709	7944	7073	6230	9264	5300	7457
AT3G54900.1	CXIP1, ATGRXCP - CAX interacting protein 1	0.00024836	2.80	49	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	19920	34055	24041	11851	9796	25616	62757	85167	48349	44786	76062	89834	65394	51833	65155	60943	80940	75840
AT4G18840.1	Amino acid kinase family protein	0.00026111	2.19	108	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	61951	71998	55391	40598	80560	78616	125105	128328	112176	93983	133199	129982	115606	119247	124416	131642	246410	126059
AT3G55440.1	ATCTIMC, TPI, CYTOTPI - triosephosphate isomerase	0.00027039	13.95	71	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1337	685	615	259	2049	176	6125	1085	12718	17568	20353	5818	7506	26078	6079	17711	5680	7762
AT5G45750.1;ATG	AtRABA1c, RABA1c - RAB GTPase homolog A1C	0.00027221	3.67	94	2	1	Col-0 OD	mpk3 DD	2200	1485	2966	3769	2889	3110	12243	8188	9227	7384	13936	9324	7079	7756	3503	23283	9291	8050
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligase	0.00028216	2.59	118	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	142677	128416	146008	170918	169377	156575	58028	54993	32470	61888	96131	101865	48878	62406	67288	65412	29873	78651
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	0.00028772	3.07	139	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	32593	26887	43672	38106	59026	38700	137698	104309	195765	123695	56411	116327	108197	63112	122974	60966	121501	124713
AT2G27460.1	sec23/sec24 transport family protein	0.00031325	2.84	174	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	110392	90418	70974	60347	61192	82202	20399	8885	30430	27886	38936	41079	30293	30917	26220	28534	32616	20098
AT1G09430.1	ACLA-3 - ATP-citrate lyase A-3	0.00031535	2.08	155	3	2	mpk3 DD	Col-0 KR	80711	99231	69506	71237	89689	110347	58393	41363	51945	50419	59954	80101	49119	42356	58404	37164	39726	27428
AT2G45740.1	PEX11D - peroxin 11D	0.00034446	43.68	46	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	561	463	951	0	43	1124	25014	20871	33536	21429	17879	18478	18775	23137	19345	16685	24622	19269
AT5G18230.1	transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein	0.00038909	3.08	44	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	2408	2960	3115	4789	2349	2051	9631	10062	10681	12261	4529	7329	3267	3614	6767	5018	2807	2546
AT1G67350.1	unknown protein; Has 2 Blast hits to 2 proteins in 1 species: Archae - 0: Bacteria - 0: Metazoa - 0: Funai - 0: I	0.00041197	91.80	44	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	7580	4178	25224	42225	12228	14532	0	1152	0	0	0	0	0	1335	0	394	0	0
AT5G02050.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	0.00049855	32.19	49	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1690	1757	3	186	2811	1185	44021	41372	37560	43134	12859	25861	49934	23553	35671	35825	75690	25006
AT5G35430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.00035247	3.19	156	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	86103	77521	36350	51803	34411	43612	6887	9443	27515	14428	27833	17632	15466	15702	20863	14420	17875	19050
AT1G23900.1	GAMMA-ADAPTIN 1, Gamma-ADR - gamma-adaptin 1	0.00035696	4.62	42	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	20383	18874	9590	9776	17514	14979	4314	1342	4890	5811	1205	6638	4501	1974	3065	1972	3696	4515
AT4G00730.1	AIM2, AHDP - Homeobox-leucine zipper family protein / lipid-binding START domain-containing protein	0.00036384	2.30	56	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	22814	22029	26502	30065	39678	21822	12033	16194	14318	15203	10353	10999	8297	13205	20913	12124	9023	7349
AT3G46970.1	ATPH52, PH52 - alpha-glucan phosphorylase 2	0.00036501	3.76	177	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	150416	123100	116239	100413	97693	115155	27440	21624	34417	31012	37865	34387	20252	27972	22687	13169	117256	42715
AT3G17100.1	FLA18 - FASCICLIN-like arabinogalactan protein 18 precursor	0.00036307	7.18	41	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	17494	10317	6413	8180	1203	6188	99335	95382	76668	40054	22272	23636	24960	45878	44003	55194	43292	30168
AT4G17750.1	Protein kinase superfamily protein	0.00037017	9.98	110	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	1573	2252	4315	8206	2642	14223	5916	62782	108466	86007	23664	44538	55898	52020	61181	46509	26241	31019
AT3G60600.1	VAP27-1, VAP, (AT)VAP, VAP27 - vesicle associated protein	0.00037614	110.80	56	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	40518	40108	76766	70965	51781	39760	0	0	0	732	1598	557	1813	2034	1508	4494	1387	2719
AT5G02850.1	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0.00037958	3.33	67	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	10049	8472	24105	14858	28298	23127	3278	4321	8266	5749	4439	6619	7488	7692	6581	9281	7126	5371
AT4G25450.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein	0.00038406	5.62	70	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	2689	5631	901	1281	1414	1064	17291	3969	5481	10099	15881	20191	11364	10088	7989	9486	4124	7760
AT5G43970.1	TOM22-V, TOM9-2, ATTOM22-V - translocase of outer membrane 22-V	0.00038703	2.18	86	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	27092	25933	40624	36736	65490	53097	70964	68107	86833	80413	56025	83420	114790	111360	87313	73353	69409	85858
AT5G57110.1	ACA8, AT-ACA8 - autoinhibited Ca2+ -ATPase, isoform 8	0.00018529	3.72	89	2	2	Col-0 OD	mpk3 DD	27066	26533	18126	17849	10370	23949	84325	109778	97150	98682	28102	43083	61097	53511	40202	63409	57589	38833
AT2G32700.7	LUH - LEUNIG_homolog	0.00191208	86.46	128	2	2	Col-0 OD	mpk3 DD	56855	56651	69427	73582	71924	56338	160	1373	681	847	0	1188	942	573	1520	1407	833	1348
AT5G20610.1	unknown protein	0.00192728	3.52	58	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	33536	23496	32617	19835	34723	36420	10595	7830	3748	11617	11777	5745	5051	7988	11624	10731	17360	19954
AT1G52780.1	Protein of unknown function (DUF2921)	0.00020179	3.02	92	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	5237	6811	4541	3780	3331	6302	9315	8876	10858	20795	19280	21508	7886	12809	9230	9643	5742	9338
AT4G15230.1	BSK1 - BR-signaling kinase 1	0.00020364	6.03	61	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	63503	54092	32945	19442	28654	35401	11073	2280	6494	8889	17072	10562	10562	5678	2438	2321	6536	11322
AT4G02030.1;AT4G	Vps51/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	0.00020571	5.13	69	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	28778	28734	11723	10655	10441	12152	3283	4321	8266	5749	4439	6619	7488	7692	6581	9281	7126	5371
AT3G57530.1	CPK32, ATCPK32, CDPK32 - calcium-dependent protein kinase 32	0.00020924	10.50	77	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	272	1271	18	303	0	11524	9987	3050	15519	8201	6979	15753	14150	2373	11117	8261	5217
AT2G31890.1	ATRAP, RAP - RAP	0.00021124	4.37	56	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	20434	14737	16848	16775	13916	15552	12416	12986	4114	4662	5194	5446	4254	4147	4131	4759	824	4367
AT4G34870.1	ROC5, ATCYP1 - rotamase cyclophilin 5	0.00021298	5.28	49	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	9728	2661	12936	13395	1694	5632	30158	20177	80110	26442	23560	40245	38297	16340	16524	40082	35403	29661
AT5G51120.2;ATG	PABN1 - polyadenylate-binding protein 1	0.00022019	6.99	149	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	70464	63568	222613	244399	209603	270931	230949	248578	131177	97641	41037	49410	20510	35198	28328	27559	26047	17158
AT1G47900.1;ATG	Plant protein of unknown function (DUF869)	0.00022928	Infinity	103	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13478	5084	0	4128	7490	6896	7313	3750	2616
AT4G16620.1	CSDP1 - cold-shock protein 1	0.00023116	547.47	40	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	4894	3496	4189	2627	6328	3053	0	0	0	0	45	0	799	0	0	1842	0	0
AT4G03475.1	LIN2, HEMF1, ATCPO-I - Coproporphyrinogen III oxidase	0.00023495	36.15	47	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	700	1189	143	0	566	483	12594	14672	23779	16758	13219	30373	22405	2508	15273	22241	14504	11679
AT5G06420.2;ATG	unknown protein	0.00023565	57.85	46	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	6264	8577	7594	6281	8928	3772	0	0	27	0	689	0	0	265	0	0	655	0
AT5G65685.1;ATG	UDP-Glycosyltransferase superfamily protein	0.00024526	2.29	122	2	2	Col-0 OD	mpk3 DD	41216	39012	25207	34958	23338	31276	53124	50660	61376	75614	108780	96258	77415	88632	69990	71784	37766	73494
AT3G51880.1;ATG	HMGB1, NFD1 - high mobility group B1	0.00024592	36.31	49	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	811	1930	1571	1017	2896	3016	0	0	310	0	0	0	404	0	0	124	0	0
AT1G29400.1	AML5, ML5 - M1I2-like protein 5	0.00024729	3.25	60	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	19326	32993	20035	28534	18523	23059	126337	110337	89579	54903	43856	37645	47388	45994	54552	42006	29961	35109
AT1G24120.1	AIR2 - AIR2-like 1	0.00024809	184.01	61	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	68840	63323	58656	53567	71423	48047	748	0	784	5	595	0	895	0	0	1083	0	0
AT3G11330.1	PIRL9 - plant intracellular ras group-related LRR 9	0.00025383	3.24	111	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	8522	11229	9485	10361	24155	23402	41399	35247	40739	35607	15504	33783	34147	28676	74039	58556	47195	39694
AT3G01180.1	AtSS2, SS2 - starch synthase 2	0.00025781	57.89	47	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	21333	18543	34597	30237	32109	27809	246	1043	0	991	227	628	229	851	724	474	276	280
AT1G62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	0.00029432	21.78	91	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	5281	11238	9822	15226	14810	19482	31999	24408	12890	6719	270	6209	0	0	0	0	657	3222
AT3G09260.1;ATG	PYK10, PSR3.1, BGLU23, LEB - Glycosyl hydrolase superfamily protein	0.00027479	9.62	59	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1871	2452	2849	3315	942	1032	27595	22163	8373	4234	9385	1216	27922	12349	17619	16463	20207	25359
AT5G58040.1	ATIP1[V], FIP5S, ATFIP5S, FIP1[V] - homolog of yeast FIP1 [V]	0.00027825	100.30	86	1	1	Col-0 OD	mpk3 DD	2242	1927	2590	4910	0	1584	353406	282541	275563	210798	95331	111768	126545	103338	112243	138910	113085	93609
AT5G57870.2;ATG	eIF4a4G1 - MIF4G domain-containing protein / MA3 domain-containing protein	0.00028304	2.50	228	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	51589	47502	79768	74797	114098	96053	122409	93046	62291	59848	97985	98341	32373	36989	33177	39671	22900	52510
AT1G67140.1	SWEET16 - HEAT repeat-containing protein	0.00029131	2.79	270	4	4	Col-0 KR	mpk3 DD	89258	100016	52210	40704	104458	68739	170503	234419	305759	267951	130164	153469	207290	178698	262157	253488	136294	100518
AT5G42765.1	unknown protein	0.00029678	4.69	72	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	15800	5541	10194	1851	9600	12021	12645	16708	46616	40482	46393	33464	27433	36056	39632	51274	62061	41502
AT4G15420.1	Ubiquitin fusion degradation UFD1 family protein	0.00029745	2.50	111	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	9967	8717	12910	10021	18498	15637	3737	3250	6179	5977	6367	4794	6355	5016	7878	8036	3071	5345
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	0.00030312	5.05	53	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	13894	11179	2639	4799	1583	12348	38926	51669	53184	43215	31000	16327	19689	24975	26812	51258	18855	19209
AT4G26630.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	0.00031818	39.09	58	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	500	698	201	0	221	0	11465	12494	12777	12613	6402	7578	6529	6617	9383	10906	3954	6214
AT1G02130.1	ATRAB1B, ARA5, ARA-5, ATRABD2A, RABD2A, RA5 - RAS 5	0.00031787	2.24	155	2	1	Col-0 KR	mpk3 DD	52425	51732	29590	35691	19417	29801	90030	44218	106091	56712	78059	90034	76561	74630	76608	89865	104117	67843
AT4G15230.1	unknown protein	0.00032451	21.70	52	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	580	78	0	0	330	0	5484	3737	6160	2144	2122	1803	4451	1728	1318	1723	2179	2010
AT1G59910.1	Actin-binding FH2 (formin homology 2) family protein	0.00033045	34.58	67	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	155	195	0	0	209	149	4989	4901	6095	3877	1615	3007	4155	2671	2579	2025	1801	1234
AT1G42440.1	unknown protein	0.00033586	4.23	81	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15016	6371	7013	6864	3690	9685	30764	38893	62095	40309	14363	19204	23291	19370	31510	47876	34945	11587
AT5G48220.1;ATG	Alkbh5/anac-type TIM barrel family protein	0.00034782	3.91	49	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1690	1722	2007	3290	3586	2053	11814	16971	7577	7423	7325	4990	3503	12069	9114	10880	3976	4022
AT4G08030.1;ATG	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	0.00035844	4.93	69	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	6011	9408	3403	4382	8963	4914	47870	39519	34248	23082	6917	31004	31458	17960	28899	29154	11523	13586
AT1G15820.1	LHCB6, CP24 - light harvesting complex photosystem II subunit 6	0.00035269	4.34	143	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	9928	22219	13639	25722	5378	11562	58342	40322	121196	57882	13357	75263	88490	67343	54274	53916	68733	50690
AT1G71760.1	unknown protein	0.00035604	6.10	62	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	3096	2917	2695	3052	2080	149	11522	18343	15886	19367	5699	11969	9210	13794	12426	17328	11743	8477
AT3G10410.1	SCPL49, CPY - SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49	0.00035272	2.94	51	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	12075	10639	3579	2413	4387	3205	9434	12787	14572	20261	18029	16926	15778	18885	14149	19669	12526	25666
AT3G26618.1;ATG	ERF1-3 - eukaryotic release factor 1-3	0.00035037	2.61	78	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	18932	18596	31227	24776	48399	24459	104099	117466	55139	42940	55532	58667	41971	49128	62975	61649	70883	59116
AT1G76010.1	Alba DNA/RNA-binding protein 2	0.00036304	2.51	150	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	48952	71302	42100	38833	28422	33279	91773	125915	141102	142323	67055	93639	110871	84271	85953	75226	65228	46313
AT5G42120.1	ATGSTT1, GSTT10, GSTU1 - glutathione S-transferase THETA 1	0.00037179	3.47	73	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	8614	5960	10868	13494	2417	7262	17230	9721	31185	22766	3926	43912	38034	28683	22700	23339	28725	27382
AT5G58870.1	fbh9 - FT5H protease 9	0.00037458	2.72	54	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	7292	3821	1613	1489	1774	1751	13479	7718	5997	5168	9381	6528	9679	7123	7974	6880	5808	10135
AT5G44090.1;ATG	Calcium-binding EF-hand family protein	0.00037925	4.52	169	2	1	mpk3 DD	Col-0 KR	69609	55030	55877	59180	59867	59207	15076	12917	7823	15974	31604	28057	26812	13668	16120	15603	4822	2427
AT2G19860.1;ATG	ATHKK2, HKK2 - histidine kinase 2	0.00038079	2.37	261	5	2	Col-0 KR	mpk3 DD	11814	18244	4644	9136	7832	10736	24683	18140	22110	22740	26937	34866	17176	27758	20000	22222	14726	23863
AT3G63540.1	MogS/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	0.00038114	2.25	58	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	28600	26556	12422	15338	7103	13526	41105	29811	31794	33416	53764	43548	43037	40013	31409	35204	33100	50271
AT5G58590.1	RANBP1 - RAN binding protein 1	0.00038709	3.34	79	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	27850	25141	18045	20952	12468	16992	82219	89892	65595	89304	22399	55921	43047	97531	72066	56855	31628	52025
AT2G46280.1	TRP-1, TP3I1 - TGF-beta receptor interacting protein 1	0.00039004	2.17	46	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	9601	8330	12012	7047	13472	15633	27111	30541	25312	26932	14263	18945	14302	22855	28955	26149	18896	31900
AT3G15980.1;ATG	Coatomer, beta' subunit	0.00039736	7.08	382	7	1	mpk3 DD	Col-0 DD	32693	30738	41967	47975	16310	22322	9084	2620	9090	1347	448	4538	14255	5897	1988	1785	2332	2046
AT1G07000.1	ATEXO70B2, EXO70B2 - exocyst subunit exo70 family protein B2	0.00039087	137.75	42	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	3642	3059	3652	2306	3050	3542	161	218	129	79	0	0	0	19	88	0	32	0
AT1G73430.1	sec34-like family protein	0.00039412	4.19	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	13400	53814	19078	24181	20647	18440	3791	4512	1011	7392	20837	5235	8919	5829	6277	14001	6772	3795
AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	0.00039602	81.21	89	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	12501	14161	34678	26729	37638	38577	129271	119978	85191	66778	61124	64595	602	1605	3502	0	0	780
AT3G14415.1;ATG	Aldolase-type TIM barrel family protein	0.00040534	2.10	1458	17	6	Col-0 KR	mpk3 DD	1070294	1054196	735599	1046930	1213648	1420645	1503139	1165346	2242118	1688422	3182385	3031510	2170248	1994541	2334741	2336397	2538139	2382597
AT1G80500.1	SNARE-like superfamily protein	0.00041367	6.16	64	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	18206	10822	2934	1419	223	10869	41790	34003	50918	42032	57102	47930	44596	50025	49934	48172	42297	32187
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	0.00043142	3.85	102	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	12441	8858	38177	34278	16318	7607	138448	90459	77438	57591	41259	48409	25627	44162	41421	36132	30642	29832
AT5G60980.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	0.00043039	2.46	165	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	123488	98370	201688	197381	332650	270304	599434	607240	604825	476231	330662	388719	439043	415520	273602	340646	356268	303710
AT4G28770.2;ATG	Tetraspanin family protein	0.00043576	66.19	66	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	5836	9642	5931	6482	4371	5704	0	1643	624	547	512	0	0	0	0	574	0	0
AT1G08520.1	ALB1, ALB-1V, V157, PDE166, CHLD - ALBINA 1	0.00043919	2.21	664	9	9	mpk3 DD	Col-0 KR	1532735	1347151	2846182	2607520	2563652	2201166	1816621	1742924	1732813	1220742	1214804	869120	1048249	962840	1041385	1105682	800871	961178
AT1G61010.1	CPSF73-I - cleavage and polyadenylation specificity factor 73-I	0.00043952	3.63	43	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	6310	9861	1143	1868	5049	9590	14863	12808	23488	18341	25169	28249	19201	16220	21455	19708	17394	11340
AT3G16640.1	TCTP - translationally controlled tumor protein	0.00044575	3.20	88	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	29262	32616	18312	16049	9107	13425	39904	24250	79079	71081	75256	90645	57254	49511	37776	69453	40885	68263
AT2G18800.1	SEC22, ATSEC22 - Synaptobrevin family protein	0.00044954	4.08	55	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	2149	881	2473	1289	7213	4231	5741	7416	14545	15072	13225	18443	6141	13492	8463	8057	5098	8810
AT3G07100.1	ERMO2, SEC24A - Sec23/Sec24 protein transport family protein	0.00046155	2.82	253	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	365475	399158	242424	276701	221522	333855	86224	79914	125230	112195	304437	194381	78439	138110	113457	135694	67448	118720
AT3G18760.1;ATG	Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6 family protein	0.00046183	9.59	107	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	33	1743	1807	2394	6554	2674	14638	29518	25336	41290	12231	19115	23421	18275	27915	35868	19134	21223
AT4G06680.1	AR401 - 5-adenosyl-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.00046672	22.17	89	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	0	0	84	801	427	434	4149	362	4461	2660	4589	3187	3297	1752	5554	3820	7731	6870
AT2G32920.1	ATPDL2-3, PDI9, ATPDI9, PDIL2-3 - PDI-like 2-3	0.00047541	3.33	112	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	38061	36005	16927	31646	22880	51280	5573	5502	12926	15118	9237	10810	15204	7543	10090	3454	13739	13218
AT1G15930.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	0.00047944	4.66	174	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	55898	44003	21360	19160	65175	35248	84110	150054	146429	125150	172994	162982	58814	173863	132702	95686	293602	167904
AT2G46910.1	Phosphatidyl ascorbate biosynthesis PAP / PAPS1-like family protein	0.00049789	21.13	76	0	1	mpk3 DD	Col-0 KR	0	389	0	0	51	1324	4182	1724	3395	7363	19723	360	4585	2979	5866	10066	2226	1543
AT1G69810.1;ATG	Cystathionine beta-synthase (CBS) protein	0.00051803	3.18	137	2	2	mpk3 DD	Col-

AT2G37100.1	SE - C2H2 zinc-finger protein SERRATE (SE)	0.000716049	3.81	180	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	25889	27185	24461	21372	20382	27285	12108	9994	1630	11240	9966	5735	6086	7058	4366	11005	2337	7614
AT1G50920.1	Nucleolar GTP-binding protein	0.000720047	28.83	67	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	4131	6716	4540	5456	3382	5569	0	0	0	0	0	1034	1250	1978	0	279	0	214
AT4G03560.1	ATTPC1, TPC1, ATCCH1, FOU2 - two-pore channel 1	0.000733332	3.01	100	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	18331	18316	7521	5350	16537	12798	25464	27343	26566	30170	45873	82215	30228	30487	29772	21221	30251	36518
AT1G03860.1	ATPHB2, PHB2 - prohibitin 2	0.000736288	2.71	106	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	5701	16004	8017	3890	8370	7294	19911	9665	25626	16938	30909	24178	12812	14821	24094	24292	29707	28049
AT4G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	0.000739614	2.20	94	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15892	15280	18636	9478	25169	22686	49871	20022	38867	32171	49247	46014	25750	33656	34528	30326	31214	33764
AT4G00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	0.000743985	6.57	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1104	123	2700	5565	8057	3687	12658	6095	25558	23613	25424	34986	22435	27166	25661	25065	18036	21191
AT4G16690.1:AT4G	ATU2AF65A - U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	0.00074818	2.56	113	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	21381	23724	26814	47300	31338	30667	137492	99045	90721	51256	44670	40359	69548	71308	56090	77217	74618	51543
AT5G47090.1	unknown protein	0.000748445	5.52	53	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5482	5558	9589	4906	4681	5729	48720	31667	39007	22176	28925	25921	13165	28324	26142	15640	2017	17139
AT3G45640.1	TSA1, TRP3 - tryptophan synthase alpha chain	0.000758804	3.22	70	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	4427	2624	4368	1410	815	998	8188	8539	5972	8025	4053	12385	10548	9780	8699	4668	4378	5985
AT3G59390.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	0.000760303	35.71	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	1107	1037	2119	7939	8111	11290	0	0	885	0	0	0	431	270	523	196	0	0
AT4G03120.1	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	0.000765068	24.23	106	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	33	1198	0	0	0	2000	1498	3171	38510	14432	17721	2948	13063	2910	5202	24992	5685	1192
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	0.000766595	Infinity	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	0	0	0	0	0	408	0	1576	1147	5337	2303	0	1071	5289	4149	3316	3145
AT3G17840.1	RLK902 - receptor-like kinase 902	0.000773751	2.21	66	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	13623	9883	6052	5133	4620	4247	19387	15430	10347	15028	18560	17294	11288	11096	10830	12296	9874	8610
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	0.000809002	2.03	89	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	230525	316519	124616	150152	167581	244514	305903	301632	406509	366767	522421	597616	336193	394191	312896	422137	271379	406243
AT3G42250.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	0.000813877	2.42	135	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	128349	196765	79166	83763	52154	120803	46286	48914	63254	37243	34270	54995	57690	34955	54370	49499	43890	32253
AT1G08970.1	HAPSC, NF-YC9 - nuclear factor Y, subunit C9	0.000823355	27.48	195	2	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1666	812	0	427	2697	2060	34802	26707	43932	27055	31850	38731	30163	37581	32844	31526	37132	41279
AT1G47200.1:AT5G	WPP2 - WPP domain protein 2	0.000847957	2.17	284	3	3	Col-0 DD	mpk3 DD	97491	108675	132849	108108	110484	98110	122163	168519	270103	182820	130837	145490	198104	217429	223884	225013	166058	161768
AT5G18570.1	EMB2629, ATOBGC, CPSAR1 - GTP1/OBG family protein	0.000854553	2.04	157	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	63764	63117	96598	83705	82379	222158	183125	177178	124058	94432	115523	111561	140802	145418	111031	85365	100463
AT5G52240.1	MSBP1, ATMP1, ADMAPR5 - membrane steroid binding protein 1	0.000895895	2.98	62	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	21923	32668	4567	6511	27061	33247	42720	39220	61015	64201	57913	59251	65847	65969	57782	48992	75476	61425
AT5G14720.1	Protein kinase superfamily protein	0.000904522	14.74	147	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	66749	59264	97783	113034	42616	78757	165903	80550	1674	26	398	4045	7369	5178	7944	4663	20099	9427
AT5G21200.2:ATSG	DEAD/DEAH box helicase, RNA helicase family protein	0.000928348	2.99	44	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	28317	25793	38925	33999	17152	13865	3809	4989	6143	5597	14728	17595	7306	12240	12422	8142	13129	8823
AT4G20310.2	Peptidase M50 family protein	0.000998415	9.30	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	36960	41123	144808	165124	86548	119339	13413	11959	8360	15822	375	13945	9419	20250	12173	5630	20847	11887
AT3G11510.1:AT2G	Ribosomal protein S11 family protein	0.001004507	2.42	127	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	45001	44432	67172	50579	119538	96971	97500	135508	190278	230129	135063	131688	177749	143222	271122	108063	200313	174622
AT1G70050.1	rec4-DNA recombination family protein	0.001016812	4.28	42	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	17570	17654	22144	21857	32539	23328	51328	142845	125682	53834	108119	95521	77761	117154	197285	225157	37804	48222
AT5G47200.1	ATRABD2B, ATRAB1A, RAB1A - RAB GTPase homolog 1A	0.001047685	2.57	165	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	236698	165708	124310	110579	251107	161236	37596	41480	64255	130626	70136	66246	34384	47766	51407	133377	74305	66581
AT5G50310.1:ATG	Adenylate kinase family protein	0.001050568	3.27	49	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2466	4168	1157	2627	1206	1443	659	1447	3866	4007	1477	607	6015	5535	8554	6076	6033	7237
AT4G04770.1	ATABC1, LAF6, ATMDR11, ABC1 - ATP binding cassette protein 1	0.001056142	4.97	43	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	948	1374	843	1521	625	622	2154	3935	3888	4011	4050	8150	6856	6167	1726	10951	2583	1200
AT5G54430.1	ATPHOS32, PHOS32 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	0.001066458	3.52	64	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	11303	10525	14150	10270	22803	11621	2604	2269	5163	7641	1286	6496	4082	7066	2313	5685	1410	2374
AT2G36145.1	unknown protein	0.001100456	16.66	44	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	167	262	667	834	1866	0	7091	7038	8436	8993	12825	12524	10296	10458	12928	11122	9804	8663
AT4G2715.2:ATSG	ATPase, V0/A0 complex, subunit C/D	0.001117463	2.05	70	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	11671	38326	17992	9165	26179	17473	36073	40618	48844	42639	55065	65156	43711	47186	52163	44247	39274	41354
AT1G71220.1:AT1G	EBS1. UGGT. PS1.2 - UDP-elucose:alycoprotein elucosyltransferases:transferases. transferring hexosyl eroups:	0.001118816	15.85	90	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1759	2057	141	147	296	37	136	6882	8776	11895	13514	22158	14079	13825	12470	11418	11295	7245
AT5G19590.1	TLD-domain containing nucleolar protein	0.001125254	2.75	48	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	4287	4891	9423	8774	17093	10639	34458	30642	29367	25608	16590	14676	18071	10404	10655	15237	8842	7647
AT5G03415.2	DRB - Transcription factor 2	0.001127838	2.70	87	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	6096	5394	1682	5514	3684	5111	13554	20363	13529	7516	8552	10129	9327	15239	14440	11584	11884	5628
AT5G08080.1:ATSG	SYP132, ATSYP132 - syntaxin of plants 132	0.001136576	3.01	50	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	65466	69596	44831	35165	36394	93769	10284	27274	24961	18607	8056	29976	24129	22673	22431	19459	7061	18753
AT2G01720.1	Ribophorin I	0.00114405	2.90	77	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	61771	62972	24071	22607	27421	40267	59844	51829	92001	143660	172608	172615	100067	84387	92821	110535	66097	121950
AT1G17720.1	ATB BETA - Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	0.00115242	3.22	382	5	3	Col-0 KR	mpk3 DD	7423	3511	7055	15874	5605	7114	30552	27502	37145	11134	22947	9858	34130	31322	25151	31667	14350	13169
AT1G71710.1	DNAse I-like superfamily protein	0.001154591	2.71	273	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	80826	68791	90822	124268	63660	74594	54627	57100	41367	116372	32224	89978	37930	35048	34494	24646	24647	36886
AT4G19040.1:AT4G	EDR2 - ENHANCED DISEASE RESISTANCE 2	0.001159856	2.85	42	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	5284	13794	11447	9631	9436	6409	3193	2032	7256	4273	1792	2297	2966	1756	2089	4114	6403	2332
AT4G34120.1	LEI1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	0.001166366	2.24	41	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	33469	28304	13070	23359	50257	37531	37482	37117	76914	73971	66676	84533	65091	87424	67026	64736	61928	71015
AT4G18440.1:ATG	L-Aspartase-like protein	0.001196924	2.31	44	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	25626	20299	36183	28922	46729	22630	81299	64534	23937	84006	81373	79866	62664	68131	69666	60979	56251	63119
AT1G68300.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	0.001209176	15.48	46	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	270	0	0	243	487	213	2649	2311	2882	2622	3494	3768	3791	4641	2862	2353	2720	2409
AT5G44650.1	CES7. AtCES7 - Encodes a chloroplast protein that induces tolerance to multiple environmental stresses and r	0.001214539	27.07	41	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	390	356	394	202	129	431	15500	18976	11939	929	1223	2945	875	3971	668	236	4098	1629
AT1G01200.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	0.001214968	2.19	40	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3744	2519	2200	2004	9022	4134	11031	11994	7126	7625	7217	5821	11599	6424	10073	8992	6649	7959
AT3G54350.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	0.001123783	33.30	44	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2428	2374	7240	8311	9464	7323	0	0	157	814	127	18	1199	0	0	0	165	0
AT4G35580.1	NRPB1, RPB1, RNA_POL_II_SUBNA_POL_II_LS, RNA_POL_II_LS - RNA polymerase II large subunit	0.001244276	2.29	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	29121	30404	42862	45965	39831	28394	29092	37815	29789	40412	15581	42978	22642	15057	9520	26573	11527	9417
AT4G08320.1	PTR8 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.001269352	5.39	103	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	45293	78852	38470	45839	15742	40980	4411	3256	1205	10955	18344	12717	11547	18751	12800	14435	2445	7607
AT4G18100.1	Ribosomal protein L32e	0.001389642	2.16	67	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	8834	5868	11288	8295	18929	9858	20446	30560	25664	27967	14538	16769	23782	17872	38719	20783	17082	15535
AT2G04740.1	ankyrin repeat family protein	0.001396023	3.99	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	17999	30786	11215	10277	6349	17908	4693	6036	3457	2566	3181	3778	2866	1924	6202	11871	6733	3003
AT5G45960.2:ATG	PP1B, TMP-A, ATMP-A, TMP-1.2 - plasma membrane intrinsic protein 1B	0.001418816	4.79	134	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	17796	13811	5438	3638	3496	6788	23380	7333	63180	54008	58298	37746	40494	31811	24171	23988	18609	24147
AT4G29470.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.001443439	5.16	102	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	4089	2321	369	1023	3326	4517	7814	3718	16939	18377	16907	16936	13509	22528	8678	11082	3862	9020
AT3G04870.1	ZDS, PDE181, SPC1 - zeta-carotene desaturase	0.001445452	2.20	119	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	26346	19376	16739	16081	10416	9995	33852	34343	46118	19673	37332	45969	31161	18566	21282	16130	16505	16507
AT3G04340.1	emb2458 - FtsH extracellular protease family	0.001451027	61.03	41	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	240	13	0	0	3	0	701	0	4548	3957	4481	1933	2095	2852	5255	2075	289	1805
AT1G19850.1	ARF, VAN7, EMB30 - sec7 domain-containing protein	0.001480691	5.85	61	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	39672	50232	17762	20480	33709	26062	18592	16058	14979	4572	4046	1613	4739	1692	7542	8531	7813	1810
AT4G28910.1	NINJA - novel interactor of JAZ	0.001495905	23.81	49	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2731	145	24	403	1887	59	19716	41923	14334	33284	512	4169	37099	22598	29091	30121	4653	1447
AT3G05070.1	unknown protein	0.00161304	44.08	58	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	8510	9168	9942	13148	11270	14225	1466	0	0	2292	0	338	1428	0	76	0	0	0
AT1G64850.1	Calcium-binding EF hand family protein	0.001614513	3.03	47	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	9990	7021	5368	5616	2865	5355	21963	9224	22821	20082	17722	15875	22905	14505	11479	14831	21771	4742
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	0.00161877	8.91	104	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	121	4316	13633	6810	1800	2563	65653	79488	54776	29829	18435	12454	26736	10991	18206	21329	21531	11725
AT5G42270.1:ATG	VAR1, FTSH5 - FtsH extracellular protease family	0.001654162	27.38	418	6	1	Col-0 KR	mpk3 DD	739	0	1325	2564	0	3089	27483	32616	59907	34292	42033	4811	36634	41894	45377	34152	21668	31586
AT4G05510.1	UK14 - uridine kinase 4	0.001656456	2.55	75	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	8809	8954	6354	13349	17940	23682	18103	30240	27376	30633	38071	44949	29026	48267	39209	40259	13629	31367
AT2G03510.1	SPPH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	0.001708573	27.76	67	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1133	1021	268	0	1898	0	11230	11407	17330	16230	26512	961	19909	19668	21455	13639	23066	22195
AT1G27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	0.00171344	3.25	60	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	41957	67883	45419	22254	64380	108723	41092	103078	148589	198900	219959	218824	189100	229610	127112	215073	153696	223317
AT5G18580.1	FAS1, TON2, EMB40, FS1, GDO1, FAS1 2 - tonneau 2 (TON2)	0.001758305	81.85	121	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	23032	34722	27790	29998	16847	26074	0	0	888	453	0	570	840	0	1183	630	156	1742
AT2G31510.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	0.001826442	2.54	159	2	1	Col-0 DD	mpk3 DD	17432	16944	27784	35338	59607	34239	36203	81483	70416	86006	59087	152395	51725	69599	88458	71268	82102	56930
AT5G02940.1	Protein of unknown function (DUF1012)	0.001896762	3.94	44	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	6949	6158	8822	9164	12558	12531	23714	21668	34838	47283	11449	20669	10339	69362	58340	26713	29897	26751
AT5G08650.1	Small GTP-binding protein	0.001896783	2.34	70	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15995	16370	6293	4893	13128	14830	12717	21007	20863	29837	40426	32541	19382	22943	27655	22921	15878	15082
AT5G65430.1	GRF8, 14-3-3KAPPA, GF14 KAPPA - general regulatory factor 8	0.001897843	9.68	414	6	1	Col-0 DD	mpk3 DD	383	802	1776	774	4053	1601	7778	4893	10510	51569	11722	4440	9051	1350	5985	31522	8469	12306
AT3G60240.2:ATG	EIF4G, CUM2 - eukaryotic translation initiation factor 4G	0.001901089	57.97	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	582	399	1155	1127	1175	2420	25	67	0	0	14	12	350	59	391	0	323	10
AT5G55530.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	0.002081154	84.31	66	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	41892	42234	88732	81595	102635	67700	1249	935	575	325	1954	0	769	1026	2182	1184	284	0
AT5G12110.1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like;Translation elongation factor EF1B/ribosomal protein S6	0.002091829	30.19	202	3	3	mpk3 DD	Col-0 DD	1670	0	5309	3190	2970	4467	135824	125409	85116	78603	50768	55860	68609	79296	74592	62249	57125	60143
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	0.002137121	2.09	117	2	2	Col-0 KR	mpk3 DD	90362	99625	94861	94510	65099	113921	72576	62179	21739	48582	66605	38364	55436	46813	28010	36116	43177	57927
AT3G24490.1	Alcohol dehydrogenase transcription factor Myb/SANT-like family protein	0.002156807	32.56	162	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	44926	32128	62539	50393	25830	29719	0	1085	5253	493	0	711	17582	1581	2578	2564	20542	3276
AT2G57780.1	cwp26 - serine carboxypeptidase-like 26	0.002207591	21.65	61	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	0	79	2740	0	0	0	1159	1055	2343	12646	6566	0	2348	13394	14822	11541	8410	10516
AT1G75460.1	ATP-dependent protease La (LON) domain protein	0.002266694	4.89	106	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	7418	15528	5538	14678	1701	14699	13782	16601	24704	46978	89268	71137	27985	65737	49456	73982	14070	59867
AT1G01800.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.00227995	2.03	49	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	28860	21102	13052	12819	37330	25246	29062	24013	36826	44553	59186	56953	52752	48219	45137	48795	41506	44891
AT1G04810.1	26S proteasome regulatory complex, non-ATPase subcomplex, Rpn2/Psmd1 subunit	0.002293232	4.60	178	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	318910	401396	317206	285323	290041	240436	20736	4616	87552	115769	98433	116408	68751	94521	72077	59744	66599	43451
AT5G00180.1	RPOC1 - DNA-directed RNA polymerase family protein	0.002300556	31.28	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	11555	17048	5021	5727	13769	9813	7153	1224	2628	371	1443	1556	344	682	421	0	565	0
AT5G23570.1	SOS3, ATSOS3 - XS domain-containing protein / XS zinc finger domain-containing protein-related	0.002325373	2.62	108	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	3848	4251	25854	19820	7958	9293	37333	34320	33560	29412	20638	12708	29208	43080	33869	26461	24426	29197
AT5G21210.1	Protein of unknown function (DUF185)	0.002404776	2.43	63	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	12904	23894	21902	29037	20283	20532	9927	10791	17380	7318	18959	11572	9005	13127	13887
AT2G03140.1	WRKY3 - WRKY DNA-binding protein 3	0.002413443	2.42	99	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	10056	12558	20234	13914	11560	11716	16572	22618	22115	20510	8980	7662	4377	6697	6750	10265	4575	8025
AT1G59770.1:ATG	SAC9 - sac1 homology domain-containing protein / WW domain-containing protein	0.002434335	4.20	50	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	25383	30098	6347	10366	6878	10047	6677	2884	2534	5604	5309	2173	4376	4040	5226	4234	923	2398
AT2G17560.1	HMGB4, NFD4, NFD04 - high mobility group B4	0.002586947	29.13	53	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	360	738	535	496	0	0	21317	15357	7548	6982	2171	2799	7721	4613	5145	4878	1044	538
AT2G44200.1	CBF1-interacting co-repressor CIR, N-terminal;Pre-mRNA splicing factor	0.002590594	11.44	45	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1107	2	2124	1175	27	8	14493	12797	10410	10406	1918	809	4306	2801	11722	6162	6881	6811
AT2G47250.1:ATG	RNA helicase family protein	0.002684963	21.37	68	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	231	346	299	0	978	0	3937	135	4676	7193	13570	10129	4752	6210	8697	4870	7764	5735
AT4G02170.1:ATG	Protein of unknown function, DUF538	0.002786943	2.01	57	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	37785	33010	53006	46431	94347	56874	81720	96318	103518	114173	102104	147639	89309	116037	53619	132730	68228	95721
AT5G47840.1	AMK2 - adenosine monophosphate kinase	0.002831263	17.36	59	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	536	424	0	0	1816	1084	12330	11257	7464	8794	10364	1029	10259	11814	11390	8227	14441	10856
AT2G35880.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	0.002848631	2.43	152	3	3	Col-0 KR	mpk3 DD	25619	20913	30690	26357	41946	23054	69386	69098	51219	71628	28497	45417	52903	91342	77730	100052	34199	43972
AT2G05220.1:ATG	Ribosomal S17 family protein	0.002849299	3.67	65	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1565	1511	5317	5205	4025	3868	6148	6925	9653	6951	8954	14734	5611	4139	14701	21321	18682	14402
AT1G52180.1	ATPTP5G1, DSP4, SF4A, ATSF4X4 - dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	0.003048737	2.39	63	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15507	20891	19757	14187	37353	27710	5088	7428	5672	14416	13425	10716	13516	6606	17162	12200	9411	7855
AT3G19170.1:ATG	ATPREP1, ATZINMP, PREP1 - presequence protease 1	0.003060141	2.43	123	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	31092	24062	5986	5824	14272	9742	26792	18777	47760	32426	44755	50454	27590	35664	43861	35302	28450	26325
AT5G43960.2:ATG	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	0.003129553	45.54	57	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	616	4	518	847	1407	31	15425	650	45623	57304	6201	30718	1702	23771	8401	622	2903	3288
AT4G09710.1	Protein of unknown function (DUF569)	0.003193162	2.30	260	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	203587	221324	318645	246053	213800	226464	987409	730571	605974	410557	280710	277145	318472	475358	411144	518208	437397	327664
AT4G23600.1:ATG	CORI3, JR2 - Tyrosine transaminase family protein	0.003210929	10.59	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	365	159	1760	499	0	4380	11562	6817	8529	7309	12740	15072	16125	16812	7505	6021	14910	14516
AT4G22485.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	0.003285383	14.45	50	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	23354	35012	19930	12284	15474	14808	142734	107683	50496	40292	45720	29894	23688	25031	48951	47247	33258	16663
AT5G27380.1	GSH2, GSHB - glutathione synthetase 2	0.003348666	2.18	56	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	70483	79775	38991	40457	75035	50061	42318	32397	24955	20120	15641	22946	18352	45878	27409	37405	10956
AT3G45600.1	TET3 - tetraspanin3	0.003355887	6.52	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	20491	16070	7924	9673	13067	13257	1396	2231

AT5G51820.1	PGM4, ATPGMP, PGM1, STF1 - phosphoglucomutase	0.004974658	2.36	43	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	22347	25787	19868	21878	13650	9945	39392	46850	15459	59302	44880	57173	43720	46790	58446	44559	25976	23348		
AT1G53750.1	RPT1A - regulatory particle triple-A 1A	0.00525806	4.40	78	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 KR	13637	10243	26492	32744	15881	14136	10198	16694	90268	84182	85887	179994	82630	100940	88350	95592	77368	53414		
AT3G49601.1	unknown protein	0.005283334	2.45	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	18067	16902	19206	37830	28282	20389	53740	28321	37047	92882	38451	26217	32281	84723	76883	54324	61996	34239		
AT4G17530.1-ATG	RAB1C, ATRAB1C, ATRAB2C - RAB GTPase homolog 1C	0.005377803	16.71	192	3	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	5943	5004	4565	3737	18522	4878	112	28	0	1620	0	791	14	0	0	507	0	2216		
AT4G04920.1-ATG	Ribosomal protein S24e family protein	0.005476002	3.08	41	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1627	806	2193	2826	5025	5210	9435	9924	13739	3011	7732	10673	5509	2734	11956	9994	10549	9633		
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	0.0056773	3.68	64	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	29401	32783	11402	11862	14106	18460	35724	24151	210792	31590	69665	61803	51839	47733	31669	45122	49388	58919		
AT1G28340.1	AtRLP4, RLP4 - receptor like protein 4	0.005964932	3.04	83	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	3304	3107	1360	885	1014	1108	4744	3446	955	7348	7793	7139	7473	6759	5061	3981	3719	5789		
AT1G04430.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.006053063	11.66	54	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2524	1430	0	0	1143	2563	11985	7369	20981	11347	21140	16484	18387	14448	9716	8171	12436	13684		
AT2G39730.1	RCA - rubisco activase	0.006235833	67.72	6145	75	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	350587	351072	271778	305888	58295	88946	4583	8579	3875	2093	0	1937	6619	6670	8473	4475	505863	401604		
AT4G18220.1-ATG	Peptidase M20/M25/M40 family protein	0.006359599	55.86	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	258	0	326	0	0	504	6834	0	1951	7461	4053	5702	4338	11740	4949	7755	17746	14233		
AT1G07630.1	ADT2 - arogenate dehydratase 2	0.006462891	2.29	115	2	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	9071	9710	4087	3956	10504	11688	4427	3294	4000	3941	2416	3278	6680	6860	1562	3872	5105	5956		
AT5G52580.1-ATG	RabGAP/TBC domain-containing protein	0.006513484	23.57	99	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	17061	15896	49988	59046	46712	52064	917	6914	3422	1929	489	5921	415	1068	3919	1296	0	3517		
AT5G58070.1	ATTIL, TIL - temperature-induced lipocalin	0.006552703	4.24	41	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	13520	13061	6065	6978	163	13326	30795	30034	32907	22269	28138	30363	43372	34128	31693	33781	43666	38563		
AT5G49840.1	ATP-dependent Clp protease	0.006615843	52.62	94	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	22433	20315	24015	28976	20186	11796	919	482	5507	112	0	484	644	0	236	863	0			
AT5G47790.1	SMAD/FHA domain-containing protein	0.006701895	3.09	45	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	17300	16991	22762	17114	19937	9619	17772	38318	40403	35477	49706	138649	27207	24042	29112	22252	19052	34996		
AT4G11420.1	EIF3A, ATEIF3A-1, EIF3A-1, ATTIF3A1, TIF3A1 - eukaryotic translation initiation factor 3A	0.006752736	3.14	142	3	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	60597	71881	45541	37927	73622	78647	49362	51679	71360	19001	31629	125601	17143	17303	2725	5028	38208	37030		
AT3G26935.1	DHHC-type zinc finger family protein	0.006848444	2.35	47	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15459	14829	9524	10050	14026	10934	37257	39031	36251	12204	29361	21628	32720	34342	27463	12716	13977	19341		
AT4G02640.1	BZO2H1, ATBZIP10 - bZIP transcription factor family protein	0.006947314	3.69	41	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	9707	15162	55858	34565	24195	24110	17428	13450	18475	22782	3969	9394	3962	8077	11954	6546	9419	4402		
AT1G58602.1	LRR and NB-ARC domains-containing disease resistance protein	0.007200565	2.72	41	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1772	1062	1869	2420	10065	3703	5170	4824	4997	20960	9133	11705	10502	9382	11263	5474	5563	6535		
AT3G47070.1	unknown protein	0.007233751	10.72	59	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	1669	1593	670	0	275	1324	14963	11110	8935	6449	8659	9152	8494	12194	15269	9327	3887	2854		
AT5G57170.1	Tautomerase/MIF superfamily protein	0.007377004	2.11	77	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	9868	7857	10046	6109	40420	13350	25480	21026	30953	25559	41162	40578	26347	33505	34686	29664	12119	27517		
AT5G12860.1	DIT1 - dicarboxylate transporter 1	0.007516769	4.96	42	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	12800	14589	3653	1559	36	10028	27719	23408	35490	28329	53842	43016	32693	34404	32629	28947	25843	26349		
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	0.007610047	13.51	62	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5576	4138	33	5353	0	11150	17713	92119	70754	77460	38578	58129	35905	72309	50148	83083	12007	19435		
AT4G23230.2	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family	0.007665934	1.45	41	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	7093	7023	5924	6465	7883	11130	3784	2839	25405	21845	14607	26281	29195	21258	28300	27608	27728	22809		
AT3G19910.1	RING/U-box superfamily protein	0.007705896	2.19	76	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	33720	66133	107891	80898	38863	58465	49095	54070	37871	27692	28423	33206	18594	36146	40518	35647	24195	20963		
AT1G07760.1	NIA1, GNR1, NR1 - nitrate reductase 1	0.007708064	11.38	95	2	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2250	440	1098	2427	1460	12698	7962	15971	7574	8207	9421	21113	17809	13882	13770	10895	9884			
AT4G04930.1	DNA-binding bromodomain-linked protein-related transcriptional regulator	0.007820277	2.37	68	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	56461	41651	53439	48065	13455	52862	171513	110028	96115	99492	84701	90590	116988	89769	89450	89306	71558	70886		
AT1G58684.1	Ribosomal protein S5 family protein	0.008080314	4.02	49	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1433	1579	3567	2023	7389	1939	3757	7288	1442	12468	10890	9978	15296	6271	9839	9375	25661	5571		
AT4G17100.1-ATG	unknown protein	0.008086842	2.62	101	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 DD	13445	16437	28548	32784	20704	33839	4283	3629	14599	7575	1112	9071	8663	714	5554	8864	11341	5777		
AT4T4550.1-ATG	SEC3A - exocyst complex component sec3A	0.008248548	16.38	48	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	20472	17873	8205	11811	15452	11427	1158	1658	699	3336	2609	228	402	1099	491	1556	0	1657		
AT1G47830.1	SNARE-like superfamily protein	0.008357403	3.68	63	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	39271	45505	61056	61299	59423	47232	37647	48167	7215	2323	2991	2327	8123	3076	37244	5467	25956	5371		
AT1G61690.1	phosphonoserine hidden	0.008400682	2.36	158	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	22766	15633	33303	25232	42148	32426	24483	22723	27693	24413	10050	8714	8047	17918	13870	12817	7537	12534		
AT4G27600.1	CHR11, VPS4, ATVPS4-2 - AAA-type ATPase family protein	0.008711557	4.10	50	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	8090	5007	4604	7766	3130	9347	14880	11067	1036	16981	15572	2730	21653	27354	26210	25557	30580	24649		
AT4G39460.1	SAMC1, SAMT1 - S-adenosylmethionine carrier 1	0.009124955	2.68	75	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	15384	16617	10864	6189	5682	7368	12034	21478	34686	31823	22606	44274	22605	34887	29770	21894	20364	6922		
AT2G41430.1-ATG	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	0.009167478	2.15	124	2	2	2	Col-0 KR	mpk3 KR	291769	270717	597889	588323	437322	445516	821625	849724	634100	469552	315953	291064	272821	296708	259137	241432	269777	230853		
AT4G34510.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	0.00972035	9.10	56	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1965	1908	2873	899	0	8377	18865	19468	16993	16670	42935	27679	24584	23415	21831	27382	19958	28677		
AT4G05090.1	LRS1 - Translocon-associated protein beta-like superfamily protein	0.009815751	3.74	74	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	18979	15933	18948	21012	22880	18300	10602	5136	6941	1332	4138	2696	11613	5884	4599	8480	19757	796		
AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	0.009946256	2.74	68	1	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	68634	59055	31836	32371	47277	41589	185494	214505	118903	98099	37393	63687	45456	49488	49385	53911	45952	17939		
AT1G73660.1	protein tyrosine kinase family protein	0.010201428	2.26	45	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	7250	9418	19000	19568	17303	15459	14909	9279	6077	5570	4581	6104	6927	5517	9189	5503	8972	2904		
AT4G12610.2	RAP74, ATRAP74 - transcription activators:DNA binding:RNA polymerase II transcription factors:catalytics:tr	0.010499857	52.26	66	1	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	0	576	716	0	0	0	14655	0	28217	0	0	797	8610	8947	14620	20100	4739	10466		
AT1G01510.1	AN - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.010564212	2.47	123	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	18276	25181	16951	11325	14277	10813	11006	11705	9374	11722	5320	4923	6591	8331	8396	11153	1696	2979		
AT5G58800.1	Quinone reductase family protein	0.010689245	6.47	83	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1023	957	355	0	3284	3603	2949	3835	9537	15518	11304	17513	19384	15440	16184	13104	13430	13313		
AT1G03310.1	ATSA2, ISA2, DBE1, ISA - debranching enzyme 1	0.011133179	2.26	219	4	4	4	mpk3 DD	Col-0 KR	111044	70004	63362	128546	59455	128525	123259	95463	300728	212874	447288	317382	277134	203184	170854	234041	197208	322654		
AT5G45950.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	0.011219803	15.02	53	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	26261	25961	21100	14239	27180	33566	950	0	963	582	6814	567	2558	334	421	29	7803	3586		
AT1G43670.1	Inositol monophosphatase family protein	0.011316394	8.45	98	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	0	0	2277	0	1164	3817	5183	7270	3991	0	1147	2544	7559	3943	6212	7561	1260		
AT1G68800.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	0.011444356	3.79	94	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	3456	6969	16923	15829	5367	7698	65272	66946	37017	17534	12189	14229	18350	25270	16890	11002	28508	9094		
AT5G14250.1	CDF3, CSN3, FUS11 - Proteasome component (PC) domain protein	0.011515841	6.23	53	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	14749	12925	7596	19287	14803	20421	25489	34323	32264	40582	22760	38889	15818	28977	22217	18003	5014	18578		
AT1G02920.1	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7, ATGSTU1 - glutathione S-transferase 7	0.011665954	2.30	53	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	34687	28841	82767	76672	119408	117801	35945	25427	52734	36608	34910	26018	39102	38675	29073	25826	32294	34759		
AT5G27970.1-ATG	ARM repeat superfamily protein	0.011703719	19.57	71	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	16235	16814	24265	25969	26885	20495	3028	10481	3948	875	709	645	4638	1393	554	780				
AT5G42390.1	Insulinase (Peptidase family M16) family protein	0.011915231	6.10	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2787	1975	5125	3495	3558	2884	12373	6906	24408	2034	26219	5756	20544	49003	16303	14617	2827	17728		
AT5G46110.3-ATG	APE2, TPT - Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	0.011933768	2.05	62	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	98257	64242	34751	33511	35260	33377	95189	55039	149931	93689	130846	90328	99157	68032	47292	77144	159503	89036		
AT2G30200.2-ATG	catalytics:transferases:[acyl-carrier-protein] S-malonyltransferases;binding	0.012009458	2.47	68	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	3633	2600	2060	1634	3483	1617	7179	4951	5178	3286	10619	5836	8385	1928	4764	2899	9019	4782		
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	0.0120104	11.65	62	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	2272	1475	11012	0	2437	3251	35307	45264	30071	47088	26262	54186	25702	49577	38859	38686	4421	21872		
AT5G65730.1	XTH6 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	0.012067406	2.05	140	2	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	53539	48388	36352	38786	51273	71867	65143	43190	171105	102054	118892	115065	73107	73497	62800	58795	86260	81276		
AT1G05530.1	TAF 7 - TBP-associated factor 7	0.012103231	2.75	59	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	17209	23626	30730	46367	23006	42642	143392	134941	91417	72213	30479	32306	55547	61204	77011	66163	55013	38130		
AT1G13090.1	CYP71B28 - cytochrome P450, family 71, subfamily B, polypeptide 28	0.012144798	10.29	45	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	241	273	775	1533	0	0	110	2574	794	8509	8982	8072	7298	5268	4077	3847	3207	2036		
AT3G11270.1	MEE34 - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	0.012197405	17.43	106	2	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	230	613	0	0	424	0	699	4604	8810	7134	15129	6204	12536	6924	6871	1066	13796			
AT4G21100.1-ATG	DDB1B - damaged DNA binding protein 1B	0.012776915	7.06	66	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	2360	2124	2475	1175	4753	2390	21566	17325	27205	15576	19208	305	21501	21391	18623	14670	21834	9784		
AT4G04580.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	0.012791727	19.20	58	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	3563	4716	8961	9949	5379	4508	491	474	0	559	407	0	323	0	76	291	931	335		
AT5G24710.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	0.012861919	2.77	50	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	35110	27405	24329	28751	5802	26572	14934	5971	14443	9751	13871	12495	17284	5945	10690	7420	4874	7144		
AT1G78300.1	GRF2, 14-3-3LAMBDA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	0.013004193	23.94	329	6	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	23604	26062	7350	6292	36654	18682	243	0	0	2113	2020	950	0	2079	0	804	2072	0		
AT5G63220.1	unknown protein	0.013027872	2.09	56	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	17590	10404	7932	5131	14798	18662	16662	13586	19963	30848	30384	44026	26947	23787	23788	27222	12267	25413		
AT3G12080.1	emb2738 - GTP-binding family protein	0.013503393	12.65	84	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	33026	29787	43375	35681	50644	27159	0	2435	770	1704	1818	0	2180	889	371	6291	1415	0		
AT5G13030.1	unknown protein	0.013703224	2.96	97	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	49562	72035	32814	34344	18219	28532	3657	10086	15326	29446	16416	23164	5518	21340	9574	24257	5241	11725		
AT4G22690.1	CYP76B24 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 24	0.013726837	2.37	129	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	44850	52921	27515	31252	22508	52564	47323	38423	119820	74059	109266	137791	59328	62067	41911	65005	30808	44254		
AT5G67030.1-ATG	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1)	0.01436193	2.19	166	3	3	3	mpk3 DD	Col-0 KR	39192	45237	17823	15375	15156	16928	10723	8341	13093	13756	21470	17705	15848	8460	10329	11007	11840	10863		
AT3G48860.2-ATG	unknown protein	0.014817027	3.62	90	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	9953	11223	20979	24444	10928	16059	21758	18841	10964	2964	2082	10712	3987	897	163	767	5234	14840		
AT4G33510.1	DHS2 - 3-deoxy-d-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase	0.015190248	3.79	184	3	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	55796	50678	25182	37599	37674	58886	569	1633	10166	11599	13746	34385	9039	21740	11015	16346	10714	1362		
AT1G42480.1	calmodulin binding	0.015291713	2.45	67	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	8158	7062	10363	7722	15810	10704	40150	46436	22931	17223	10141	9837	18258	17383	25009	26055	14554	18101		
AT1G67230.1	LINC1 - little nuclei1	0.015377228	59.33	116	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	0	621	0	893	672	0	36887	42349	28664	15062	6739	0	11677	5464	11057	8945	8851	7630		
AT5G18060.1	Proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein / zinc knuckle (CCHC-type) family protein	0.015738577	2.32	41	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	110855	113992	87396	118137	78711	101775	75660	80676	60383	85945	82232	58159	74803	56516	29522	38186	4943	59300		
AT1G68680.1	unknown protein	0.015944983	6.05	49	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	511	113	728	714	1817	1675	4925	5742	828	4071	781	8343	6899	13520	868	2154	4834	5139		
AT2G41840.1	Ribosomal protein S5 family protein	0.016463853	3.14	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	4514	2329	2773	1570	20221	6501	6501	10535	7760	28912	21236	22475	44285	21681	7375	26621	8073	10984		
AT1G06530.1	Tropomyosin-related	0.016589695	11.20	63	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	63536	65222	56594	53467	71786	59218	1148	1323	7041	16601	6913	0	13298	11794	10396	10397	10563	8880		
AT1G52320.2-ATG	unknown protein	0.017345178	2.27	102	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	75241	80389	50172	50757	67423	52113	46640	65859	16367	39193	29355	23400	25794	29179	40143	36047	7649	34747		
AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protein	0.017629706	2.58	44	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	131630	121869	124008	124085	48977	109381	51763	38616	146297	16299	51230	78176	78242	21959	42013	35300	45164	33349		
AT1G74020.1	SS2 - strictosidine synthase 2	0.017904264	25.92	85	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	0	372	0	94	196	0	509	2306	974	1361	3737	4924	147	4026	2900	2396	0	7677		
AT5G04020.1	calmodulin binding	0.018096485	4.40	120	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	9008	18543	1224	5785	814	7004	66360	37139	36820	79799	8163	6932	18523	31998	44106	22982	33219	20901		
AT1G17070.1	GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein with Tulfelin interacting domain	0.018151265	2.00	73	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	44567	70467	36296	40292	83202	40541	152846	143719	96826	125898	52030	60475	54778	94467	80254	79643	53759	65584		
AT1G08640.1	CID1 - Chloroplast J-like domain 1	0.018437463	19.71	79	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	2791	0	4947	2582	2845	1725	7836	40193	15978	63136	110808	55518	9845	21274	6579	14764	3211	58815		
AT5G43810.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	0.018902932	16.04	76	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	171	332	3	3	1628	0	1327	2636	11491	7712	2018	0	8002	2916	6384	2505	7039	7416		
AT4G03170.1-ATG	ATMPK4, MPK4 - MAP kinase 4	0.019102951	3.10	41	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	19411	23393	9746	9025	169	14704	31850	37020	40044	35083	52480	40325	46288	38268	37049	35728	46494	29232		
AT2G05170.1	ATVPS11, VPS11 - vacuolar protein sorting 11	0.019176071	10.18	44	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	2923	2218	1017	1353	2878	2799	236	345	398	163	56	98	387	1715	0	360	45	183		
AT1G20900.1	DGK5, ATDGK5 - diacylglycerol kinase 5	0.01970967	3.34	56	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	8896	6311	10140	8856	4280	4714	12301	10419	14210	18893	54226	54445	15701	27740	20871	10502	11416	3897		
AT4G17230.1	SCL13 - SCARECROW-like 13	0.020146946	8.42	65	1	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	1849	2619	5314	3029	4202	4808	578	0	477	580	273	848	717	319	698	430	268	159		
AT4G38780.1-ATG	Pre-mRNA-processing-splicing factor	0.020617265	2.71	54	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	5379	5249	1869	2021	5410	6994	7196	8216	7741	10156	21909	17679	11516	12453	7744	6576	2337	11184		
AT4G04320.2-ATG	malonyl-CoA decarboxylase family protein	0.021474824	12.33	44	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	31972	32260	38457	37804	48666	47214	0	2817	2392	4011	3820	7271	1884	3035	2296	1914	5701	4346		
AT1G19815.1	Plant protein of unknown function (DUF869)	0.021978876	2.45	74	1	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	8517	9201	2828	5571	1914	6997	3171	3822	2465	1300	1615	2415	1031	1638	1462	3342	2250	3452		
AT1G17220.1	FUG1 - Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	0.021998305	3.08	139	2	2	2	Col-0 DD	mpk3 DD	13017	20625	16144	15614	13153	16162	39379	6411	67118	53087	52328	73746	32813	28241	44275	46936	27039	36323		
AT1G00580.1	PSBE - photosystem II reaction center protein E	0.022104538	15.12	43	1	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	304	756	0	0	29	869	15269	1824	5271	4000	141	3113	6685	7952	183	7910	97	260		
AT4G15260.1-ATG	PAL2, ATPAL2 - phenylalanine ammonia-lyase 2	0.022642022	3.68	91	2	2	2	mpk3 DD	Col-0 KR	2538	4394	7851	6663	4718	3864	4916	2219	11200	9811	25998	24800	27102	23476	19290	17131	4927	18666		
AT5G02310.1	PIR6 - proteolysis 6	0.0228884	49.76	42	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	5204	3146	6441	5874	0	2142	0	0	0	458	0	0	0	0	0	7197	545	0		
AT4G16370.1	ATOPT3, OPT3 - oligopeptide transporter	0.023200802	2.23	41	1	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	3836	3690	3786	3141	5454	3591	166	257	3950	2156	377	3649	4214	2931	3349	1234	3119	4573		
AT5G60790.1	CHX01, GCH1 - ABC transporter family protein	0.023

AT1G07070.1;AT5G	Ribosomal protein L35Ae family protein	0.036662802	22.24	59	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	195	71	216	296	683	515	2777	2403	2674	720	3991	25391	187	34236	255	5918	126	3253
AT2G35110.1	GRL, NAP1, NAPP - transcription activators	0.036699296	11.46	63	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	15672	13351	6770	8694	6308	14675	2595	1	3268	1205	406	801	266	0	960	186	2124	2177
AT5G65270.1	AtRABA4a, RABA4a - RAB GTPase homolog A4A	0.03734976	6.81	74	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	21139	14178	22792	16721	17843	15953	1126	497	3254	5923	5144	0	5649	5442	937	8491	3987	3715
AT2G31670.1	Stress responsive alpha-beta barrel domain protein	0.037581887	2.08	41	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	6774	11854	1619	7318	5610	2043	11805	7039	8660	10507	10360	15915	10152	9604	7038	6010	24744	15761
AT1G13220.2	LINC2 - nuclear matrix constituent protein-related	0.038310646	76.02	45	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	0	82	90	1	33	8	771	182	11119	3682	506	23	2496	0	3157	7043	854	132
AT5G23680.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	0.039207793	10.02	41	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	12093	12466	29599	26773	20545	20467	5367	8381	10934	251	29	1082	1537	0	4091	0	2963	3574
AT3G28290.1	AT14A - Protein of unknown function (DUF677)	0.039707884	2.98	74	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	11366	3737	18295	12030	12885	13339	39247	14040	49289	42888	47930	18659	38411	41016	11099	6033	62869	54233
AT5G23880.1	EMB1265, CPSF100, ESP5, ATCPSF100 - cleavage and polyadenylation specificity factor 100	0.04241486	2.52	57	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	7987	3643	10810	8113	10553	13231	20596	10288	26353	16548	10244	33109	27391	24358	18565	4973	6129	26934
AT5G35980.1	YAK1 - yeast YAK1-related gene 1	0.042826192	5.76	45	1	1	Col-0 DD	mpk3 DD	924	0	2129	826	0	1634	9814	6493	299	4664	5843	4657	1996	3862	3731	2996	995	1821
AT4G19510.2;AT4G	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class)	0.043183526	23.07	44	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	9415	7917	703	1281	97	1248	0	0	211	479	40	166	0	569	69	132	1021	0
AT5G42870.2;AT5G	PAH2 - phosphatidic acid phosphohydrolase 2	0.043957762	2.04	59	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	24743	25897	19294	18356	78083	40773	24984	15744	9939	19131	17061	14748	17197	16273	12506	14065	15123	8046
AT5G13310.1	unknown protein	0.044646969	2.43	43	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	13362	13313	20338	13440	12456	13239	9970	4338	14512	10835	1135	3182	1916	13740	8212	3046	932	7546
AT3G18740.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	0.045178299	18.34	45	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	221	502	859	180	0	869	0	0	0	0	0	5675	0	0	309	0	0	0
AT2G37170.1	PIP2B, PIP2;2 - plasma membrane intrinsic protein 2	0.046554219	15.69	52	1	1	mpk3 DD	Col-0 DD	7761	23178	5726	13153	26351	21015	2220	1121	1905	949	0	0	2506	186	9054	0	3245	994
AT4G16450.1	unknown protein	0.046931359	2.41	46	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	8589	9231	5038	6169	17695	9854	3168	6634	14577	16940	29365	34688	22856	24622	15152	20908	23810	29272
AT3G54620.1	ATBZIP25, BZO2H4, BZIP25 - basic leucine zipper 25	0.047190124	131.10	61	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	25	85	0	0	0	0	62	0	8637	4680	122	0	4488	394	2541	5228	1738	0
AT1G64090.2	RTNL83 - Reticulan like protein B3	0.048636155	3.40	50	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	35055	38471	29085	22289	39748	34622	10805	9010	16447	64048	10906	6041	12910	9559	24580	55	2710	7218
AT2G36870.1	XTH32 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	0.048855215	16.24	47	1	1	Col-0 KR	mpk3 DD	838	1249	269	0	0	1880	1584	0	5490	5440	18011	11240	10760	10619	8462	7089	12295	19565
AT4G34740.1	ATASE2, CIA1, ATPURF2, ASE2 - GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 2	0.049277059	2.82	49	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	6719	5836	3550	2057	14918	9245	1027	1025	1121	3586	4804	5762	1285	2299	4388	4112	2091	831
AT2G47610.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	0.049635172	4.23	45	1	1	mpk3 DD	Col-0 KR	4152	4138	5374	7626	11507	6883	12544	21231	37	0	2	41	43	17	287	248	8265	513

Tabelle B18

Proteine aus den Phosphoproteinanreicherungen von Col-0 0D/ KR und *mpk6* nach 4h DEX (α-value=0.05: Max fold change=2.0)

								Normalized abundance mpk6 DX					Col-0 DX					Col-0 KR				
Proteincode	Proteinbeschreibung	Anova (p)	Max f change	Conf score	Peptide count	Peptides used for quant	Highest in	Lowest in	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6	Replikat 7	Replikat 1	Replikat 2	Replikat 3	Replikat 4	Replikat 5	Replikat 6
AT2G40620.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family	0	Infinity	102	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	2504	2192	6426	7800	7704	6367	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT1G27090.1	glycine-rich protein	0	Infinity	48	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	0	0	0	0	0	2762	7710	5795	6131	3198	8673	3384	2201	6855	4111	8732	7170	4233
ATCG00820.1	RPS19 - ribosomal protein S19	7.60E-12	74.49	55	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	339	902	465	312	290	257	19234	27901	22394	53292	37155	35106	23509	17248	12818	35237	53195	34230	38366
ATG0563.1;ATG0	SAR1, ATSAR1, ATSAR1A, ATSAR1B, SAR1B - secretion-associated RAS 1B	1.76E-10	19.77	87	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	12990	17883	29314	28848	23482	28453	218792	252868	353112	733343	494279	774751	424127	295580	459099	292763	420698	355443	304660
AT5G17710.1	EMB1241 - Co-chaperone GrpE family protein	2.17E-10	3.41	573	7	7	mpk6 DD	Col-0 DD	761680	883061	849012	1011884	924496	1027519	271275	345076	249267	303611	246957	219899	233542	395456	311034	270209	348789	246681	267199
AT5G09903.3	EMB2107, RPN5A, MSA - 26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5)	4.34E-10	18.23	48	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	68110	50610	42780	50855	57264	51203	1850	4029	3146	1529	6014	2597	1363	3119	4661	1813	2117	3434	4294
AT5G45900.1	APG7, ATAPG7, ATG7, ATATG7 - Thif family protein	5.55E-10	13.30	146	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	136909	108355	66170	102200	98442	101561	12162	19515	15579	5290	8986	7321	7122	6537	7786	9382	8120	9126	5173
AT1G21130.1;ATG	O-methyltransferase family protein	6.21E-10	20.20	300	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	28836	42301	13459	16580	31389	26264	95736	110206	114809	236317	165978	222921	136918	5735	7854	4224	9848	10860	7433
AT3G44310.1;ATG	NIT1, ATNIT1, NIT1 - nitrilase 1	1.31E-09	2.08	1203	16	16	mpk6 DD	Col-0 DD	4247137	4570062	3461246	3214788	3992919	3923791	1627790	2045246	1944268	1671264	2003824	1920081	1944459	2182159	2027184	2096388	2370834	2296795	2348766
AT4G39730.1	Lysine/Ketoglutarate, PLAT/LH2 family protein	2.29E-09	12.14	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	60242	53008	32208	43057	29989	24382	4014	3627	4158	4520	5608	5408	2652	4529	1890	4378	3375	4286	1550
AT4G13200.1	unknown protein	3.65E-09	4.23	183	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	255565	237210	119553	184958	139001	155478	49109	43448	56763	42528	43707	34110	39379	53526	32883	42952	35330	48874	44734
AT4G20890.1	TUB9 - tubulin beta-9 chain	5.99E-09	2.99	2171	28	8	mpk6 DD	Col-0 KR	2486363	2511800	2003567	2045935	2093863	2361039	1185045	1132958	1017893	832756	719493	1027972	1099452	657722	588626	927110	912420	725960	709284
AT1G41710.1;ATG	ARP1, emb2207, RPL3A, RP1 - ribosomal protein 1	6.08E-09	5.32	50	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	6547	6465	5077	8635	7465	7292	30883	43016	40764	61035	25615	32702	23393	31324	27745	32119	41501	22610	25216
AT1G06950.1	ATTIC110, TIC110 - translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110	7.63E-09	2.25	697	9	9	Col-0 KR	mpk6 DD	140810	141801	215270	176391	147672	161263	429499	436016	382742	326427	313016	342769	360355	375207	409819	312985	393154	385502	345086
AT2G40290.1;ATG	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	9.27E-09	4.53	177	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	231073	283873	206221	280195	304752	241941	70930	92450	106760	62645	48918	79549	44936	60741	62132	50703	75313	46169	46435
AT2G18470.1	WRKY33, ATWRKY33 - WRKY DNA-binding protein 33	1.02E-08	13.87	362	5	5	Col-0 DD	Col-0 KR	36966	39675	66990	68583	96765	105738	795249	852503	979794	402536	298003	353511	344938	34960	54588	37376	31909	50752	39325
AT1G76580.1	ATCDSP32, CDSP32 - chloroplastic drought-induced stress protein of 32 kD	1.30E-08	5.53	126	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	26903	27163	35786	23559	22377	23577	116508	115787	124836	223190	162047	182399	102563	95316	73834	153129	179164	177002	149155
AT5G58240.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	1.32E-08	31.58	46	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2456	3081	864	2120	1897	1844	129908	103495	92594	24718	30368	33942	36717	19370	34926	61314	66894	28698	39863
AT1G16460.2	ATRDH2, ATMSTZ, MSTZ, STZ, STRZ, RDH2 - rhodanese homologue 2	1.36E-08	2.45	232	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	430271	447772	598579	566168	569262	661918	221426	212405	258118	176202	239342	287405	182042	217056	221312	258203	206799	232349	200022
AT1G64790.1;ATG	ILA - ILITYHIA	1.38E-08	4.63	273	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	113939	114162	82021	88859	97611	83405	21171	21665	15717	30210	26103	11092	18034	24176	15912	22325	14410	22537	28924
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	1.56E-08	2.98	471	8	8	mpk6 DD	Col-0 KR	464241	490303	640137	555286	549386	526069	214129	306614	187174	150634	211856	192743	193181	138540	170046	205229	238407	170103	161740
AT2G12240.1	unknown protein	1.71E-08	5.18	914	15	15	Col-0 DD	mpk6 DD	195485	130817	100797	120271	166501	154763	658248	725463	781418	431076	380401	378278	331452	80808	102313	105532	102091	120580	98444
AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1.78E-08	3.51	313	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	123184	176509	93732	74389	107479	126416	162646	171949	160858	190807	152706	190683	329896	141860	410337	172815	291911	601342	364436
AT4G08850.3;ATG	EMB1144 - chorismate synthase, putative / 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate phospholyase, putative	2.34E-08	43.47	48	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	392	839	1572	277	388	208	3196	11357	12845	38529	11319	24822	10625	21809	34209	17063	28615	36584	21468
AT2G47710.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	2.36E-08	3.95	179	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	122007	133998	183264	198192	233739	245222	621045	717932	817279	739772	524450	595216	764045	632844	637041	917570	744107	1011884	485296
AT4G05730.1;ATG	ASA1, TRP5, ANT1, WEI2, ASA1 - anthranilate synthase alpha subunit 1	3.09E-08	4.17	100	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	50706	46852	57137	62009	78348	83699	27410	34974	32247	32154	46825	160678	115998	32094	36226	31732	38271	30766	24967
AT3G10380.1	SEC8, ATSEC8 - subunit of exocyst complex 8	3.33E-08	2.66	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	17402	15863	15605	16025	17586	17544	6586	5545	4908	8101	4690	8309	5735	9539	5920	7552	7641	7136	6227
AT4G17040.1	CLPR4 - CLP protease R subunit 4	3.34E-08	5.05	345	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	1360858	1208584	1739053	1368377	1819788	1903620	197233	241287	213124	443395	378800	364978	333869	764050	577851	384576	434233	609371	376828
AT2G19350.1;ATG	VAM2, PTSH2 - Plant extracellular protease family	4.15E-08	7.49	115	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	2098	1873	3267	1834	2452	1886	8637	8275	8049	14290	16611	18926	12974	6906	18418	10036	22005	18428	19417
AT5G28501.1;ATG	unknown protein	4.76E-08	2.81	622	9	9	mpk6 DD	Col-0 DD	2937235	2686622	2168026	2543646	2240920	2162000	1016444	865842	940262	548950	909300	985185	843526	1029111	870913	1241649	1266929	1474499	1140823
AT1G04530.1	TPR4 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	4.84E-08	2.84	866	13	13	Col-0 DD	mpk6 DD	3059523	2814878	2075132	2090071	2733609	2838525	1206383	1027594	1097407	735133	724969	820997	809281	837262	1030568	1054423	1352552	1194143	869143
AT2G31150.1	PKT3, PED1, KAT2 - peroxisomal 3-ketoacyl-CoA thiolase 3	5.33E-08	5.28	215	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	413776	418973	247835	279025	309147	423684	43495	45208	57244	55954	117104	85268	58211	189869	112747	109748	97610	144001	131022
AT4G26830.1	PAD3, CYP71B15 - cytochrome P450 superfamily protein	5.54E-08	9.43	90	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	8242	5057	3985	4975	3527	2667	32294	22166	21144	55079	68172	59443	52566	7064	7181	2665	4922	4931	6012
AT1G58290.1;ATG	HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase family protein	7.11E-08	5.88	122	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	59481	67149	76209	70771	68143	69023	14686	5865	17237	10298	8313	18355	17707	19533	16441	15484	32998	23062	
AT4G11150.1;ATG	TUF, emb2448, TUFF, VHA-E1 - vacuolar ATP synthase subunit E1	7.40E-08	2.85	270	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	82942	102038	104027	110237	130485	112528	198581	255262	235722	378956	292968	388064	262279	307540	245194	307844	276829	404946	284985
AT2G35120.1;ATG	RPT2 - Phototropin-associated novel-expressive NPH3 family protein	7.48E-08	6.54	83	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	42416	63421	72778	72045	50088	60815	10779	16978	21763	8183	5273	10193	14437	13964	10056	9680	7808	7446	6732
AT5G44340.1	TUB4 - tubulin beta chain 4	8.81E-08	3.48	2259	27	8	mpk6 DD	Col-0 KR	6867474	7057525	4306728	4075466	4669312	4909680	1775510	1735073	1826480	1775550	1709492	2215903	1055792	1588181	1530649	2347394	1169515	1467637	
AT1G03130.1	PSAD-2 - photosystem I subunit D-2	9.21E-08	3.85	140	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	220438	238963	139118	163371	154983	163619	24432	39569	40882	68022	47829	52519	54037	120192	183139	103188	148608	131886	123819
AT4G18540.1;ATG	Ribosomal protein S5 family protein	9.36E-08	11.91	88	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2135	953	2995	1979	854	696	11207	11096	20796	25167	34074	20033	11140	13015	17344	18139	6664	14642	16980
AT4G01090.1	PDH-E1 ALPHA - pyruvate dehydrogenase E1 alpha	1.10E-07	2.76	842	12	12	Col-0 KR	mpk6 DD	636140	670259	999484	943688	895457	813202	1477008	1328622	1443485	1327828	2015362	2065191	2053329	2146356	2411343	1967382	2053452	2599444	2510539
AT4G14180.1	Ribosomal protein L35Ae family protein	1.10E-07	7.80	51	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	492	1490	684	884	796	1856	9031	6191	4573	11286	4664	10171	9673	9584	4177	12136	5897	8604	7995
AT4G10200.1	WLIM1 - GATA type IVB/GATA factor transcription factor family protein	1.11E-07	12.39	93	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	40760	50071	31861	25782	41385	47362	2516	3326	4251	2150	3894	1884	4337	4677	6249	4107	1812	6816	4882
AT4G35450.1;ATG	AKR2, AFT, AKR2A - aldrin oxygenase family protein	1.21E-07	4.02	191	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	798420	687348	631640	839448	736296	924604	124538	109287	131850	285961	227620	244482	215843	398071	315329	316481	336255	266919	282343
AT3G07970.1;ATG	UBQ8 - ubiquitin 8	1.21E-07	21.55	70	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	2027	1835	7240	3276	12939	1857	108374	191340	174335	68137	70918	52299	68079	31801	46508	55175	83959	27386	32863
AT5G02160.1	unknown protein	1.21E-07	2.40	159	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	18864	31775	24715	27380	24338	26786	44844	42010	35969	31559	38595	46120	59152	65945	50573	59133	82447	51823	
AT3G05680.1;ATG	EMB2016 - embryo defective 2016	1.24E-07	50.08	46	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	80	18	21	8	73	11	3510	1912	1824	1665	1122	1717	273	654	717	2110	1391	4365	1360
AT3G51310.1	VPS35C - VPS35 homolog C	1.28E-07	5.51	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	113136	113700	89241	130146	75829	71137	21878	18957	37096	25572	27303	33288	37896	8669	20336	14169	18059	16836	29661
AT3G19770.1	ATVPS9A, VPS9A, VPS9 - Vacuolar sorting protein 9 (VPS9) domain	1.30E-07	2.84	324	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	119759	130250	142199	148840	114021	142710	67707	98878	95062	90402	54707	62684	58135	44246	37926	50457	54899	51621	41992
AT4G14920.1;ATG	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	1.34E-07	3.17	157	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	42280	49276	59715	57245	62752	55697	165250	224668	217307	158911	123988	124573	178581	109541	119482	180315	190558	162383	127499
AT1G13750.1;ATG	BGAL1 - beta galactosidase 1	1.41E-07	2.92	227	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	63083	65943	77688	101587	99206	105894	164406	137481	210617	258046	197506	154721	236353	217739	283200	231901	259671	264351	244480
AT4G27585.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	1.47E-07	4.94	49	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	37689	40656	48476	60782	53043	56638	9833	5410	5168	11651	12663	10027	15501	8808	7089	16079	9740	13258	12622
AT1G56070.1;ATG	LOS1 - Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein	1.64E-07	3.70	1678	21	21	Col-0 DD	mpk6 DD	4029269	3629913	4260795	4260795	4840551	4524211	4736758	3770265	3705910	3071553	3809940	4191246	3501164	4402057	5182285	4731753	5415003	3757278	3656179
AT2G01350.4;ATG	QPT - quinolinate phosphoribosyltransferase	1.66E-07	18.36	41	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	77477	39556	47642	40893	63079	49743	1623	2022	1430	3327	8007	4417	2372	1920	5620	1018	1211	6652	918
AT5G62840.1	Phosphoglycerate mutase family protein	1.71E-07	2.46	82	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	45527	42205	37243	38446	42742	26582	62490	64343	55867	75627	79668	74972	82969	76359	106917	80594	107128	96611	106018
AT5G13510.1	Ribosomal protein L10 family protein	1.79E-07	6120.22	41	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	2	0	0	0	0	1965	31	14	3995	898	2712	3625	819	1178	4469	1924	1056	3959
AT3G54170.1	ATFP37, FIP37 - FKBP12 interacting protein 37	1.83E-07	4.63	326	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	203166	172082	245701	214449	357061	366881	70868	83775	80834	58920	39021	41835	40214	41025	40620	60154	77363	71379	46418
AT3G15730.1;ATG	PLDALPHA1, PLD - phospholipase D alpha 1	1.97E-07	3.85	528	9	9	Col-0 DD	mpk6 DD	111083	204852	271986	206193	181069	151001	699948	749879	695793	919613	599484	650891	737820	371276	417816	477770	539906	859000	370502
AT1G69740.1	HEMB1 - Aldolase superfamily protein	1.98E-07	5.67	260	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	285012	241749	233119	273189	376281	381166	35310	53466	43705	86664	53134	35091	60969	117461	39936	119914	107322	101896	107688
AT5G20280.1;ATG	ATSPS1F, SPS1F - sucrose phosphate synthase 1F	1.99E-07	2.76	245	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	175569	148441	177041	179476	176045	205427	82952	72428	70602	57100	71142	69016	78748	43466	45417	80548	100632	59526	55304
AT3G13460.1;ATG	ECT2 - evolutionarily conserved C-terminal region 2	2.13E-07	2.61	207	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	144614	139101	111206	90043	130273	153657	51874	63916	52353	46361	41354	39128	48161	79707	69171	46194	68411	59526	64409
AT2G25860.1	LTA2, PLE2 - 2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein	2.18E-07	3.57	470	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	3635171	1979155	1599204	1788693	2006310	2191339	342564	404971	414934	700971	654762	606143	541115	1314551	1226563	877496	661088	1406325	1227239
AT1G72150.1;ATG	PATL1 - PATELLIN 1	2.18E-07	2.20	273	4	4	Col-0 KR	mpk6 DD	155098	170978	130776	141201	150430	149219	263969	213603	192384	251564	341623	221933	239936	328649	378224	277302	355955	350352	283261
AT5G51070.1	ERD1, CLPD, SAG15 - Clp ATPase	2.54E-07	3.61	1950	27	26	Col-0 DD	mpk6 DD	631391	648542	636849	732603	788383	778055	1328141	1323103	1497270	2940840	3022242	2962409	2684533	565958	587973	569289	627528	720041	670515
AT2G10940.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein	2.55E-07	7.07	196	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	115165	113547	288040	285565	309926	289945	853952	1079649	919250	2612915	2265846	2266654	1566305	1676549	2082805	1440131	1565134	1018452	1596679
AT3G46620.2	protein tyrosine phosphatases;protein tyrosine phosphatases	2.69E-07	10.25	41	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	5629	7489	10973	9882	15240	13973	633	1253	419	2082	392	1056	2297	1351	1854	1674	901	1592	
AT5G27640.1;ATG	TIF3B1, EIF3B, ATEIF3B-1, EIF3B-1, ATTIF3B1 - translation initiation factor 3B1	2.69E-07	4.11	341	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	1198934	1103709	1786677	1650814	1448597	1568900	588821	735143	641269	335392	301161	370366	357765	326951	290949	486102	442688	265263	319796
AT3G05420.1	ACBP4 - acyl-CoA binding protein 4	2.91E-07	2.23	1226	16	16	mpk6 DD	Col-0 KR	2930838	2964473	1985349	2301909	2404508	2431845	1435090	2049270	1846817	1630735	1344911	1440627	1327478	1156962	1187634	1171541	1268322	942999	997756
AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7;Proteasome component (PCI) domain	3.01E-07	212.34	70	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	553	0	0	43	516	1682	14816	47889	12388	356467	523944	673840	330366	371814	345413	255346	539091	324802	475485
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	3.36E-07	2.51	182	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	76216	61701	58176	51393	58968	59607	83459	66245	74463	84603	87006	94985	65258	19269	34232	37436	39522	28000	31266
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	3.71E-07	20.67	102	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	29440	24616	9940	4694	15430	10617	370673	553821	447924	181648	135067	149966	87471	14906	21667	4254	8237	16275	14555
AT4G28280.1	VQ motif-containing protein	3.80E-07	12.50	288	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	69112	54174	118735	35233	56193	91922	952044	785828	761609	391253	312245	375443	231686	20897	42739	57663	73336	35596	25167
AT5G38410.1;ATG	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.26E-07	11.31	359	6	1	mpk6 DD	Col-0 DD	4591	4351	4964	4218	3860	3831	305	121	151	387	610	629	460	1867	1336	2889	1572	535	1371
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	4.51E-07	3.20	259	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	29591	34766	44160	46417	53702	54987	66830	84360	67838	125246	92455	87782	90456	117388	127746	120015	117877	168144	191750
AT1G60750.1;ATG	Transketolase	4.70E-07	2.71	1339	17	17	mpk6 DD	Col-0 KR	5737289	5898426	7846242	8637477	7178964	7557626	2427442	2084748	1932814	2432778	2747010	1942752	1855168	4729464	4665709	3418701	3262594	5303759	5019638
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	4.96E-07	2.59	438	7	3	mpk6 DD	Col-0 KR	1240523	1348866	1307706	1342503	1251713	1301109	381317	365233	354503	535166	585426	739354	563945	699790	490077	397447	358703	500246	560548
AT4G02520.1;ATG	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	5.04E-07	4.67	273	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	38230	29003	28322	30257	40522	42394	189440	217317	198217	205706	122420	121557	81913	39409	47692	60968	69273	90150	77635
AT5G47700.1	60S acidic ribosomal protein family	5.06E-07	3.01	213	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	953295	1066776	1103668	1321410	1454212	1240226	431982	323388	356467	523944	673840	330366	371814	345413	255346	539091	324802	475485	427621
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	5.16E-07	2.51	182	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	76216	61701	58176	51393	58968	59607	83459	66245	74463	84603	87006	94985	65258	19269	34232	37436	39522	28000	31266
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	3.71E-07	20.67	102	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	29440	24616	9940	4694	15430	10617	370673	553821	447924	181648	135067	149966	87471	14906	21667	4254	8237	16275	14555
AT4G28280.1	VQ motif-containing protein	3.80E-07	12.50	288	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	69112	54174	118735	35233	56193	91922	952044	785828	761609	391253	312245	375443	231686	20897	42739	57663	73336	35596	25167
AT5G38410.1;ATG	Ribulose bisphosphate carboxylase (small chain) family protein	4.26E-07	11.31	359	6	1	mpk6 DD	Col-0 DD	4591	4351	4964	4218	3860	3831	305	121	151	387	610	629	460	1867	1336	2889	1572	535	1371
AT5G55070.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	4.51E-07	3.20	259	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	29591	34766	44160	46417	53702	54987	66830	84360	67838	125246	92455	87782	90456	117388	127746	120015	117877	168144	191750
AT1G60750.1;ATG	Transketolase	4.70E-07	2.71	1339	17	17	mpk6 DD	Col-0 KR	5737289	5898426	7846242	8637477	7178964	7557626	2427442	2084748	1932814	2432778	2747010	1942752	1855168	4729464	4665709	3418701	3262594	5303759	5019638
AT5G03650.1	SBE2.2 - starch branching enzyme 2.2	4.96E-07	2.59	438	7	3	mpk6 DD	Col-0 KR	1240523	1348866	1307706	1342503	1251713	1301109	381317	365233	354503	535166	585426	739354	563945	699790	490077	397447	358703	500246	560548
AT4G02520.1;ATG	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2, GSTF2 - glutathione S-transferase PHI 2	5.04E-07	4.67	273	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	38230	29003	28322	30257	40522	42394	189440	217317	198217	205706	122420	121557	81913	39409	47692	60968	69273	90150	77635
AT4G08590.1	60S acidic ribosomal protein family	5.06E-07	3.01	213	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	953295	1066776	1103668	1321410	1454212	1240226	431982	323388	356467	523944	673840	330366	371814	345413	255346	539091	324802	475485	427621
AT5G49570.1	AtPNG1, PNG1 - peptide-N-glycanase 1	5.16E-07	2.51	182	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	76216	61701	58176	51393	58968	59607	83459	66245	74463	84603	87006	94985	65258	19269	34232	37436	39522	28000	31266
AT5G24110.1	WRKY30, ATWRKY30 - WRKY DNA-binding protein 30	3.71E-07	20.67	102	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	29440	24616	9940	4694	15430	10617	370673	553821	447924

ATG16230.1:ATG	Calcium-binding EF hand family protein	3.34E-06	13.75	61	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	6490	6320	3059	1524	3220	2109	76746	35404	84822	75374	41015	32097	19075	5637	20767	31063	40724	25029	15218
ATG60600.1:ATG	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate synthase	3.46E-06	4.98	45	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	78499	75988	23708	36178	20222	46123	8966	15032	9588	6502	6608	8123	10957	11869	10344	12560	10525	9969	8117
ATG49510.1	PFD3 - prefoldin 3	3.49E-06	9.41	46	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	249	265	356	1594	1936	2122	7781	5671	7965	16391	8779	8963	15933	4687	8075	11993	14785	11392	10417
ATG09660.1:ATG	PMDH2 - peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 2	3.54E-06	2.66	1130	13	13	Col-0 KR	mpk6 DD	8402407	8808381	8485770	8876695	10874018	11091892	15003338	13410777	13944516	31520087	25678575	23280736	17438840	23283557	29813251	22574774	22181133	27148051	25463833
ATG52180.1	ATPTPKS1, DSP4, SEX4, ATSEX4 - dual specificity protein phosphatase (DsPTP1) family protein	3.54E-06	8.26	70	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	18318	19712	29190	23167	27485	32345	4264	2259	899	5374	2096	4901	4991	3760	3577	902	1471	4601	3874
ATG51990.1	PRL1-interacting factor, putative	3.68E-06	6.72	48	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	62743	61085	25991	44476	67258	43565	12992	11115	11779	8022	2700	3937	5563	7374	6525	5441	17090	3593	5404
ATG40239.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein	4.00E-06	2.55	401	5	5	5	Col-0 KR	Col-0 DD	114736	137143	191185	200369	176490	215951	111822	125281	177143	160703	160226	169579	202910	519183	462488	273434	315635	480951	372388
ATG41810.1	Ribosomal protein L32e	4.01E-06	10.32	80	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	1121	3104	4269	2623	4942	3869	61863	41234	39014	31971	21981	19154	25132	16431	15769	29362	25049	3994	15973
ATG45790.1:ATG	ATMPK6, MPK6, MAPK6, ATMAPK6 - MAP kinase 6	4.02E-06	7.03	471	7	6	6	Col-0 KR	mpk6 DD	119862	79534	132027	81597	80549	64385	309789	168350	178980	345721	537834	830185	959420	731701	599199	657457	469643	768788	696130
ATG30770.1	CYP71A13 - cytochrome P450, family 71, subfamily A, polypeptide 13	4.23E-06	12.31	45	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	615	407	1039	316	1999	739	5737	5399	4822	16513	14449	18661	7896	3642	4880	1200	4726	2135	2045
ATG19220.1	ADG2, AFL1 - ADP glucose pyrophosphorylase large subunit 1	4.72E-06	2.61	209	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	115186	104838	86172	97292	102072	98103	159973	177703	214588	369258	238149	312190	170627	204389	357039	225703	270121	296074	222919
ATG30288.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	4.76E-06	22.60	41	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	37997	33006	20890	34112	7618	23613	643	2213	1257	987	1317	843	858	3613	592	3973	849	10130	841
ATG62300.1	WRKY6, ATWRKY6 - WRKY family transcription factor	4.89E-06	11.26	287	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	36933	41564	45276	32408	33824	27668	753653	770395	709089	124188	155594	155006	192235	27192	36208	17681	30870	83442	30585
ATG07350.1:ATG	Tudor1, ATTudor1, TSN1 - TUDOR-SN protein 1	5.71E-06	5.40	105	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	62174	28483	49838	75339	81466	66850	8554	8629	7961	18240	25438	13498	14592	21224	12851	8173	5369	12267	7489
ATG31930.1	XLG3 - extra-large GTP-binding protein 3	5.72E-06	9.99	50	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2589	1696	5173	3939	4851	3461	61145	55547	57002	26866	8853	16591	27049	7808	5465	10624	11801	8678	7650
ATG61820.1	ATS54, SSN, S54 - starch synthase 4	5.77E-06	7.38	149	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	349713	335802	171518	202859	234223	207152	8648	12292	18204	47784	48841	52931	48469	62618	81348	35031	59925	71988	46117
ATG04297.1	GAPB - glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B subunit	5.81E-06	2.23	1314	19	17	17	mpk6 DD	Col-0 DD	8338317	8911888	6393368	6297531	6977094	7044147	2329740	2588164	2456271	4060583	3260282	4120911	4150463	6885950	5764796	4497294	4806299	7096469	6102817
ATG19190.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	5.96E-06	2.23	213	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	485821	525025	404957	480786	407921	501555	754956	723449	606003	1002797	1027755	1095469	1065061	818608	806044	1114902	1227683	1324577	958237
ATG53540.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	6.12E-06	Infinity	56	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	0	0	0	0	0	0	200	939	2411	3667	10343	13928	7011	0	3366	3440	4400	2514	2995
ATG54810.1:ATG	TSB1, TRPB, TRP2, ATTSB1 - tryptophan synthase beta-subunit 1	6.59E-06	3.16	122	2	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	100006	93425	87213	56557	89389	64710	290853	188866	158719	358664	336021	283784	192117	105950	149548	240115	162904	191424	165737
ATG41430.1:ATG	ERD15, LSR1, CID1 - dehydration-induced protein (ERD15)	6.71E-06	4.80	163	2	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	364932	352112	205296	209371	418207	327900	841902	1226806	1147535	603873	490167	515387	556762	162540	140584	177908	228555	110290	105686
ATG19140.1:ATG	ATALP1, ALP1 - Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	6.75E-06	4.91	199	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	98128	177031	62934	76155	68881	46727	7129	15612	10083	35443	26675	15365	15585	85946	86683	45524	59323	74906	78729
ATG61554.1	unknown protein	6.88E-06	3.10	811	10	10	10	mpk6 DD	Col-0 KR	11441528	10705761	6575718	8880018	10184235	11550609	6764657	4069040	3699224	2391672	2668091	2944841	3336258	3013233	2107025	5072862	3367915	3294543	2309632
ATG24160.1	unknown protein	6.98E-06	13.15	64	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	234	722	1360	361	2049	1435	8083	18376	11610	13316	4674	9464	15245	6244	5174	10494	11629	41821	5074
ATG66830.1	ATAMY3, AMY3 - alpha-amylase-like 3	7.17E-06	2.45	355	6	6	6	mpk6 DD	Col-0 KR	193091	224615	303464	293482	250423	334327	80456	107231	114654	141904	120340	114267	117402	109899	158698	63893	80839	137063	101931
ATG70410.2:ATG	ATBCA4, BCA4 - beta carbonic anhydrase 4	7.26E-06	5.85	61	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	23900	32260	11676	6424	7862	9261	41246	106345	68912	109745	80625	145511	71249	119025	69038	77131	112484	49892	40113
ATG61860.1	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - regulatory particle non-ATPase 10	7.31E-06	3.62	164	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	205661	236824	249533	276522	345821	324647	112477	156895	151563	116903	83375	123666	85939	63790	63725	114607	100227	40088	70347
ATG64710.1:ATG	GrolS-like zinc-binding dehydrogenase family protein	8.14E-06	24.14	70	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2072	310	943	896	317	489	2276	16371	8014	53046	21005	26983	13900	4163	5570	2558	5114	6379	6117
ATG13572.1	ANNAT1, OXY5, ATOXY5 - annexin 1	8.51E-06	2.83	201	4	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	41281	49005	97118	104835	71205	74949	201877	211132	198581	258973	215700	224373	134651	94176	135587	151746	165333	163308	126660
ATG61600.1	ATPOB1, POB1 - phosphate 2A phosphatase 68 protein complex B-containin G-protein 1	8.89E-06	4.23	66	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	227354	225382	159099	138001	166254	200184	59685	70940	91354	67810	46225	75567	47836	17038	22958	37875	70673	61991	53626
ATG24290.1:ATG	CSY3 - citrate synthase 3	9.12E-06	11.30	154	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	7532	17819	18904	12097	7652	12570	1041	179	256	1651	918	840	3021	1264	2487	1041	926	2900	1168
ATG22820.1	SYD, CHR3 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	9.13E-06	20.95	187	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	8748	8869	29195	26217	43401	39942	1638	922	403	1323	346	542	3536	134	933	1764	2113	2140	513
ATG17900.1	unknown protein	9.25E-06	3.53	203	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	5104	53147	76672	71363	65070	66531	32939	43780	24274	19878	13032	22116	32678	14233	13849	26242	19930	15644	18780
ATG30134.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	9.25E-06	7.21	233	4	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	81445	135689	37760	47589	61965	40043	157509	121902	133526	663039	408016	467301	355620	557896	505821	355286	367311	627679	503203
ATG04080.1	PIP39 - Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.27E-06	3.59	55	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	13160	13603	11780	12674	11087	13318	2375	1963	1939	5291	2019	4240	6779	5960	7576	5779	5166	5926	9366
ATG58140.1	PHOT2, NPL1 - phototropin 2	9.67E-06	5.65	363	4	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	35951	40606	44614	43856	41133	50696	12528	11757	6792	5873	8881	2265	4962	10806	11765	9547	10705	38044	14375
ATG41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.71E-06	2.65	377	4	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	704525	699747	739891	737046	699590	800545	530591	532282	589484	403682	290829	323722	250319	250322	270487	130117	160791	196748	245300
ATG42790.1:ATG	PAF1, ATPSM30, AR55 - proteasome alpha subunit F1	9.85E-06	4.48	197	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	60264	61705	110155	104562	118149	155782	18265	20730	20052	25080	47349	9205	18407	21494	40329	25533	21596	37546	36678
ATG08670.1:ATG	ATP synthase alpha/beta family protein	1.02E-05	2.43	917	12	10	10	Col-0 KR	mpk6 DD	806939	914198	787992	895910	981882	911621	893489	1051928	1034454	2259179	1679421	1537904	1228337	1970019	2419669	1822628	2115658	2431556	2132385
ATG27310.1	NTF2A - nuclear transport factor 2A	1.02E-05	4.77	58	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	158512	170545	162925	148841	169853	166367	18777	23461	11880	56782	22085	45487	58547	69271	43500	44431	27878	75385	89516
ATG16590.1	cICDH - cytosolic NADP+-dependent isocitrate dehydrogenase	1.05E-05	3.56	135	2	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	3767	12167	15518	16180	9069	14788	40892	26206	40713	41985	47842	35887	37239	25052	21873	28889	48038	41469	
ATG52450.1	TTG1, TTG, UMU23, ATTTG1 - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	1.08E-05	7.67	73	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	9397	21120	1133	2093	1549	1523	36678	34572	34231	48345	51295	79212	44966	28414	39425	18035	36100	39036	48141
ATG23680.1	Sterile alpha motif (SAM) domain-containing protein	1.08E-05	5.88	53	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	12585	8606	6859	9692	8900	4492	2194	3421	2638	2193	2215	4027	2605	1912	2493	2433	894	3423	
ATG32570.1	AOC2 - allene oxide cyclase 2	1.11E-05	29.75	46	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	49595	41673	135583	124398	90593	120820	8182	1588	1511	13441	406	2384	6099	3916	413	4423	667	7644	1850
ATG27720.1:ATG	60S acidic ribosomal protein family	1.12E-05	5.93	665	9	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	3762927	3971293	1331666	1205434	2451978	1995499	261191	200585	221998	402851	694413	634056	480252	691494	395264	371088	228399	633723	646537
ATG05100.1	Cyclophilin-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	1.16E-05	3.62	90	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	32403	32998	15566	10736	16143	42184	57501	55929	55342	50066	60758	51073	95608	91503	83045	106325	106812	121045	106233
ATG50440.2	Galactose oxidase/kelch repeat family protein	1.32E-05	6.23	123	2	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	17631	64108	21753	16000	38214	18390	160946	263192	276411	207513	131155	159518	80853	65888	36696	106990	133822	58096	48141
ATG62462.1	PGI1, PGI - phosphoglucose isomerase 1	1.32E-05	2.99	245	4	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	84819	87795	67749	87489	68001	68665	21355	21318	14377	19487	28017	27831	49048	50563	56657	37877	32500	73205	63053
ATG51820.1	transcription regulators NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT B	1.37E-05	3.89	116	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	67384	82351	44942	63200	64972	72831	31477	28454	23525	28080	23905	24664	17820	6904	18325	17291	30138	34281	34669
ATG56730.1	ABA1, LOS6, NPQ2, ATABA1, ZEP, IBS3, ATZEP - zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1)	1.46E-05	7.48	57	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	927	252	1904	1308	575	1099	1176	4227	3780	4089	6066	9120	4574	7291	7190	6854	10190	7654	6171
ATG63218.1	ATPANK2, PANK2 - pantothenate kinase 2	1.50E-05	2.15	124	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	127892	113952	164526	217057	166344	208338	95173	67003	60557	104749	89297	89707	86750	75849	60275	73422	72240	92303	89599
ATG27890.1	NQR - NADPH:quinone oxidoreductase	1.51E-05	9.12	180	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	13255	16183	17581	25893	18950	15831	23081	24226	38824	146563	131070	64539	39468	105354	211770	102678	95632	253900	211312
ATG50629.1	2-Cys Prx B, 2CPB - 2-cysteine peroxiredoxin B	1.54E-05	2.92	278	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	107728	105135	89986	110502	134178	142653	21991	27209	31041	72623	50280	84851	38018	41947	61278	55822	83883	71075	69288
ATG42663.1	DEK domain-containing chromatin associated protein	1.57E-05	30.26	76	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	40	494	802	193	1110	112	21094	32669	24669	6976	3303	2665	5790	5881	6009	3799	3769	2842	6547
ATG22120.1	CWLP - cell wall-plasma membrane linker protein	1.61E-05	41.95	71	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	5	792	0	194	0	3366	2467	1264	3356	4230	1157	6435	8833	4172	7836	3804	8980	7932
ATG02480.1	AAA-type ATPase family protein	1.63E-05	2.71	165	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	16385	15622	9676	15023	13690	17502	40540	26034	28570	30320	50126	58159	44027	22586	31624	40413	21471	25995	28247
ATG23722.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	1.71E-05	3.05	313	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	126647	109179	80506	123932	113724	138642	37490	27262	26975	40916	29050	41986	61630	74653	63360	62986	53457	28543	83046
ATG07150.1	Rieske (2Fe-2S) domain-containing protein	1.75E-05	2.48	73	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	14738	22242	36295	25157	31262	36716	36090	35739	20787	36475	42525	29029	31324	68783	84072	54586	64734	67615	73726
ATG02660.2	PR12, ATEUP5-2, EUP5-2 - Eukaryotic protein of unknown function; translation initiation factor 5A-1 (eIF-5A 1) protein	1.76E-05	3.11	51	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	12117	11148	26039	21325	22377	18248	6687	9186	6470	9833	5841	8868	10671	6372	6479	8302	6245	3672	6640
ATG40892.1	CRY1, BLU1, HY4, OOP2, ATCRY1 - cryptochrome 1	1.80E-05	2.50	431	7	7	7	mpk6 DD	Col-0 KR	458007	474377	261374	324383	370061	313864	244721	216530	237545	124206	119660	130448	129939	119447	140080	140435	186210	128921	144753
ATG01622.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	1.88E-05	3.28	51	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	143194	157393	72522	100552	80921	68199	35465	33422	22802	43516	21713	30081	34254	41512	40333	21973	57047	23789	20954
ATG14410.1	ATMYH1, PTAC1, WHY1 - mRNA-binding transcriptional regulator	1.89E-05	2.00	577	3	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	254463	264872	294340	288101	337335	380444	117619	177439	154427	142094	158472	135965	177044	285133	216746	173917	201354	321681	312892
ATG21660.1	ATGRP7, CCR2, GR-RBP7, GRP7 - cold, circadian rhythm, and rna binding 2	1.89E-05	9.38	66	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	15756	18484	5934	5914	11171	11313	370	736	607	2918	948	1674	1272	5572	4381	3581	2353	20217	8577
ATG22310.1	PAB4, PABP4 - polyA) binding protein 4	1.90E-05	4.47	153	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	8953	5832	16608	18254	21768	21128	81849	50659	72159	42442	36246	37596	68040	28500	64133	83652	83554	75022	78528
ATG02420.1	Cytosol aminopeptidase family protein	1.90E-05	3.96	50	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	13718	10193	8806	8996	5543	3444	35123	24935	33855	51270	28124	37823	22839	14706	9274	6962	17694	13129	18589
ATG25100.1	FSD1, ATFSD1 - Fe superoxide dismutase 1	1.92E-05	5.12	185	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	15852	17095	30892	26085	38584	33371	40909	38186	44243	122479	59850	133958	148128	139808	112878	155684	151407	157213	111146
ATG60740.1:ATG	Thioredoxin superfamily protein	1.93E-05	7.97	92	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	16597	34308	4286	6156	4727	3182	45538	42546	36695	81520	61253	53546	45887	10197	9716	2228	4277	7825	5231
ATG26260.1	FTSZ2-1, ATFTSZ2-1 - Tubulin/FtsZ family protein	1.94E-05	2.01	691	8	5	5	Col-0 KR	Col-0 DD	751962	824673	540444	623788	742843	779365	551064	428248	392553	473770	708768	343228	621722	941780	1134831	869895	941869	1079925	1091374
ATG20140.1:ATG	AAA-type ATPase family protein	1.98E-05	4.23	98	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	7698	5810	6389	4313	7853	9085	27824	15390	10444	55851	25625	24009	31827	47634	25720	25692	21571	18863	34392
ATG43850.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4) family	1.99E-05	5.15	1261	19	19	19	Col-0 KR	Col-0 DD	551363	600293	719239	680874	708185	797374	5220350	4750601	5535610	1934427	1352188	1775381	1800756	402425	458481	1042567	1030094	445866	340692
ATG51650.1	RGP2, ATRGP2 - reversibly glycosylated polypeptide 2	2.01E-05	4.47	115	2	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	219673	249326	278764	455374	300774	356587	50435	46906	50569	49367	82139	76111	130321	159783	41002	115412	56078	141253	137193
ATG52360.1	EF1E_TIF3E1, ATEIF3E1, INT-6, ATINT6, INT6 - eukaryotic translation initiation factor 3E	2.05E-05	20.82	46	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	52068	49974	46909	39447	39775	43122	10179	2811	7471	754	2937	367	1526	1289	4230	285	459	1321	3446
ATG79230.1:ATG	ST1, ATMST1, MST1, ATRDH1, STR1 - mercaptopyruvate sulfurtransferase 1	2.13E-05	3.47	89	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	43578	60719	50970	52523	56929	45558	7628	8785	5384	27667	20203	23247	13685	16004	13825	12090	17384	13058	17097
ATG20980.1:ATG	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 7 (eIF-3)	2.14E-05	2.94	58	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	9428	12219	16437	10513	20020	10307	21896	25713	27138	56738	27605	33330	26240	52057	43938	25442	34734	46102	29834
ATG58440.1	SNX2a - sorting nexin 2A	2.18E-05	2.32	201	4	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	78971	52163	69911	61301	60891	69366	58575	41689	42617	29683	24559	23161	32336	26950	29772	19635	31351	27955	34598
ATG70730.1:ATG	PGM2 - Phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein	2.19E-05	3.07	82	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	30657	33575	46260	47418	58195	54648	9823	10710	8880	12466	25494	14069	21427	35914	35587	26249	20288	45315	31086
ATG51225.1	TUB5 - beta-6 tubulin	2.20E-05	2.62	1865	26	7	7	mpk6 DD	Col-0 KR	4740324	4119180	2934340	2935103	3501828	3385207	1003406	876365	840652	2149285	1697444	2027142	1461389	1194178	1910946	1033422	1393521	1548398	1171156
ATG16720.1	HCF173 - high chlorophyll fluorescence phenotype 173	2.25E-05	4.14	185	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	16196	19760	26710	18524	20738	44363	68184	57035	46818	160384	107445	120541	123284	127952	156460	99179	141305	184766	164715
ATG11650.2:ATG	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) 4) family	2.25E-05	4.91	93	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	33769	69880	25456	25309	49042	21675	29239	26133	34159	192139	261338	171615	183337	129923	165590	176823	264951	185850	
ATG16290.1	expressed protein localized to the inner membrane of the chloroplast.	2.27E-05	3.61	48	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	220898	236045	149924	200288	149948	150169	56484	30443	31980	46217	55448	47834	88993	107976	94101	88278	40859	136821	136461
ATG01550.1:ATG	CA1, ATBCA1, SAH9, ATSAH9 - carbonic anhydrase 1	2.27E-05	2.17	1206	15	15	7	mpk6 DD	Col-0 KR	2699284	2723372	4675589	4795331	3904170	4209923	5040471	5402621	5347950	5545450	8771872	7944605	7390079	7011958	9036222	7980035	7750211	9426217	8811800
ATG52090.1	B73. SIM4. CNX6. CHL6. CNX1 - molybdopterin biosynthesis CNX1 protein / molybdenum cofactor biosynthesi	2.39E-05	2.73	109	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	14595	14951	21602	26480	20781	22889	30769	15557	17155	31488	19204	22335	36283	56732	57033	38980	40899	67663	69907
ATG36488.1	RPL9 - ribosomal protein L9	2.51E-05	6.85	118	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	7184	7963	9902	15152	6120	2704	20350	20948	13672	83378	56812	41058	44004	43043	80859	49409	29880	68860	63834
ATG61155.1:ATG	dihydrolipoyl dehydrogenase	2.59E-05	1.99	239	4	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	12585	8681	39747	39093	38812	33739	91301	104128	109259	202015	198759	121352	97802	111707	96373	85179	134915	103405	76186
ATG30139.1	VMA10, AVMA10 - vacuolar membrane ATPase 10	2.59E-05	4.68	144	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	8425	7499	4181	7432	5282	3627	33563	37884	31239	36388	13638	24786	21357	16374	15923	42078	21092	10452	9323
ATG63460.1:ATG	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	2.60E-05	3.09	512	7	7	7	mpk6 DD	Col-0 DD	547222	472851	488383	473195	354125	317901	144035	198053	181561	284431	228643	310148	226517	121748	181027	144402	202661	61521	147532
ATG24170.1	VLN2, ATVLN2 - villin 2	2.62E-05	2.65	988	13	13	13	mpk6 DD	Col-0 KR	1985631	1902774	1827989	1778076	1965001	1866980	2007427	2002481	1886078	1059248	945050	1033524	837777	672140	518442	867789	863770	677582	658092
ATG27090.1:ATG	Ribosomal protein L14	2.69E-05	2.94	108

Tabelle1

AT5G42170.1	BID zinc finger-ZnAT family dimerisation domain	5.75E-05	3.09	199	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	360318	377370	440663	441695	308898	394418	147655	178802	133293	320027	135791	185560	246215	50441	137809	101584	119659	197810	145584		
ATCG00830.1	RPL2.1 - ribosomal protein L2	5.78E-05	88.16	59	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	517	1321	1185	834	718	89016	82908	93612	70880	43757	58458	32006	21772	30924	62997	84814	31235	40562		
ATG547040.1	LON2 - lon protease 2	5.78E-05	18.65	89	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	597	2634	319	593	224	128	1496	574	1081	7973	9201	5733	8918	14054	16320	10033	6406	18409	18620		
ATG09590.1	MTHSC70-2, HSC70-5 - mitochondrial HSC70 2	5.80E-05	1304.65	48	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	0	19	0	0	0	182	0	813	7744	1527	1179	433	78	5830	3253	5039	9281	1623		
ATG09290.1	ATGSTF6, GSTI, ERD11, ATGSTF3, GSTF6, ATGSTI - glutathione S-transferase 6	5.86E-05	71.73	142	3	1	Col-0 DD	Col-0 KR	1125	961	240	313	404	46	61679	41973	52129	3056	3696	2050	3398	243	294	351	436	540	192		
ATG52312.0.1	HCF136 - photosystem II stability/assembly factor, chloroplast (HCF136)	5.95E-05	3.01	85	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	11458	18629	10457	10596	6843	8251	5358	11495	11833	7748	17694	8565	13564	23880	29137	19290	17094	41062	33652		
AT2G26990.1	FUS12, ATCSN2, COP12, CSN2 - proteasome family protein	5.96E-05	3.72	302	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	1925910	1596528	1333028	1432309	1104088	946837	719818	401107	411499	421592	570165	799852	874283	300778	124416	605013	499340	367083	344161		
ATG146550.1	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein	6.06E-05	3.51	127	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	113301	110677	167269	170655	207817	267023	103852	121147	119901	37846	74169	71157	67584	48731	56869	46424	70574	32515	40461		
ATG3142101	ESM1 - epithiospecifier modifier 1	6.18E-05	2.77	2506	35	35	Col-0 KR	mpk6 DD	51972418	48618578	64991158	75609826	72329494	82427015	71632186	73662205	69045500	163199385	139821830	123106360	99040427	246437209	179635412	136803110	127027694	221907135	183347813		
AT4G28780.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	6.18E-05	9.70	65	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	864	946	2854	4449	3269	2795	2682	9771	9634	32075	25654	20753	8237	48639	19289	16611	28014	15208	19432		
ATCG00130.1	ATPF - ATPase, F0 complex, subunit B/B', bacterial/chloroplast	6.33E-05	2.22	117	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	80216	95296	80179	76416	121858	68486	38785	30578	24162	39956	68251	49631	43878	97635	108581	56828	68195	109413	98769		
ATG07950.1	Protein kinase superfamily protein with octicosapeptide/Phox/Bem1p domain	6.94E-05	10.42	45	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	39728	20410	62836	45082	77650	84047	3815	4011	49609	2030	2207	1662	2335	4280	5440	2916	10755	2903	5356		
AT3G15840.5	PIF1 - post-illumination chlorophyll fluorescence increase	6.97E-05	2.26	158	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	1036086	910510	795366	784689	998646	1007310	538804	609649	558858	278772	347779	294346	222483	361888	478760	423167	604015	448620	382181		
AT4G15460.1	basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	7.06E-05	73.71	124	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	6665	7801	6610	5270	8564	13521	0	1782	767	0	0	0	610	0	0	0	0	0	740		
AT2G43945.1	unknown protein	7.07E-05	4.95	96	2	1	mpk6 DD	Col-0 KR	6601	6271	16932	22146	9613	7927	20481	12208	19491	31587	39165	50489	76762	64630	56919	62540	40379	66672	53120		
AT3G57890.1	Tubulin binding cofactor C domain-containing protein	7.14E-05	3.08	232	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	433713	480909	339156	340379	452594	441759	63906	71330	71031	168090	165832	230415	172050	206244	146887	195824	145833	249234	260110		
AT2G25970.1	KH domain-containing protein	7.32E-05	3.31	285	4	4	mpk6 DD	Col-0 DD	522455	602596	267200	314992	507571	512602	131018	90642	81318	107287	176521	136625	237279	277880	120866	238236	161829	326541	276186		
AT4G23460.1	Adaptin family protein	7.54E-05	15.18	213	4	4	Col-0 DD	Col-0 KR	119380	133003	26693	28975	73053	38914	2448	436	651	7136	9298	6022	6282	20010	29755	7958	12446	17206	28148		
AT3G07660.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	7.59E-05	3.39	100	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	207815	210819	87162	71182	122680	112201	69578	65506	51650	25949	36254	46457	39779	27603	45066	46556	46884	24840	48354		
AT1G06680.1/AT4G	PSBP-1, OEE2, PSI-P, OE23 - photosystem II subunit P-1	7.61E-05	3.13	207	3	2	mpk6 DD	Col-0 KR	570391	502493	472977	437200	512451	488245	110081	85394	79145	204997	219973	225761	186632	289401	117477	111509	253927	362272	303763		
AT2G37620.1	ACT1, AAC1 - actin 7	7.64E-05	6.00	828	11	2	mpk6 DD	Col-0 KR	152272	170629	221861	235681	179655	284740	5726	39720	38582	42953	49707	16168	49235	54260	91353	22702	46445	16829	19423		
AT4G13700.1/AT4G	RPS6, RPS6A - ribosomal protein S6	7.68E-05	7.13	173	3	1	mpk6 DD	Col-0 KR	46515	43594	51860	24057	63692	85178	52444	64543	48588	37766	13173	10563	12927	7076	6565	11906	7548	3226	7846		
ATCG01120.1	RPS15 - chloroplast ribosomal protein S15	7.71E-05	2.47	75	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	57495	33444	34893	33102	41551	20722	59521	41030	68491	126553	77280	86486	73823	115458	111714	69235	100100	89624	81798		
AT2G18020.1	EIF4B2 - eukaryotic initiation factor 4B2	7.77E-05	5.70	114	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	3775	4201	1695	1846	3161	4579	31323	27326	21674	18500	6027	13400	9823	10097	7230	27688	15279	6488	14345		
AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	8.13E-05	2.25	408	4	4	Col-0 DD	mpk6 DD	101515	90487	116342	115202	97183	97171	319169	274980	300097	145707	176492	227703	178825	95514	63161	188875	102143	97050	85370		
AT4G34120.1	LE1, CDCP1 - Cystathionine beta-synthase (CBS) family protein	8.25E-05	6.67	44	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	43155	22176	2541	2555	4619	6053	57694	81914	228050	84212	60440	83872	34954	69616	81544	45363	71330	50562	49625		
AT5G63190.1	NAI3 domain-containing protein	8.32E-05	4.88	53	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	10917	7187	9789	13463	9741	8661	58363	78043	89033	19516	26497	39133	32162	5835	6913	26947	12521	14939	15774		
AT4G25940.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily protein	8.32E-05	2.55	64	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	100043	96077	64663	74502	84261	74607	102305	93400	99394	62918	51428	70345	44458	26585	28843	46763	50485	19014	22021		
AT5G57290.2/AT5G	60S acidic ribosomal protein family	8.56E-05	9.59	141	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	946708	986452	162118	181419	300950	98509	117270	107818	14794	46240	17488	32897	70517	58333	34823	41222	61348	43142			
AT2G26670.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	8.74E-05	3.36	448	6	6	Col-0 DD	mpk6 DD	286876	344011	171410	242954	234782	213269	280950	265517	262002	199799	144455	149014	439112	116403	90442	96426	467312	558157	969751	945329	
AT1G60200.1	Coatomer, alpha subunit	8.78E-05	2.21	231	4	3	mpk6 DD	Col-0 KR	812186	982224	869284	947989	802720	955602	1111100	1048877	968531	955960	609041	730740	733820	175541	357343	504577	660944	382133	349508		
AT3G21140.1	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase family protein	8.88E-05	Infinity	46	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	0	0	0	0	0	0	888	0	16020	6366	11249	2975	8432	7160	3045	5044	10038	5274		
AT5G41600.1	RTNL RTNL84 - Reticulon family protein 3	9.02E-05	7.12	50	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	7559	8975	16183	18260	9475	7993	138347	104541	98068	83532	32097	60235	51844	35756	20402	82312	41570	7371	32802		
AT5G08580.1	Calcium-binding EF hand family protein	9.10E-05	2.76	110	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	78399	74260	62406	76444	67202	58625	81457	32479	62003	30035	36857	36003	27123	28667	14832	35112	27001	22756	22679		
ATG59750.1/AT3G	DHBP synthase RibB-like alpha/beta domain;GTP cyclohydrolase II	9.40E-05	249.08	43	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	0	0	0	0	165	0	0	638	1212	0	9902	8478	1225	2677	772	11281	5401	2211	10402	11020		
AT1G09010.1	glycoside hydrolase family 2 protein	9.72E-05	3.33	171	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	32556	36152	77769	71063	64812	57592	315942	246478	271580	83389	150568	117884	136179	132648	116958	190069	175807	156678	136912		
AT4G24800.1	RAS1 domain-containing protein	9.96E-05	4.08	121	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	67545	96210	58143	56555	70446	81245	2454	20273	18424	16404	28763	21755	14824	18252	18414	16167	17737	15994	20231		
ATG539410.1	Saccharopine dehydrogenase	0.00010503	2.29	48	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	26918	27238	30483	31082	22165	24096	22283	12717	10748	23769	22183	14475	17373	12892	11146	8466	8369	15243	14676		
AT3G05910.1	Pectinacetylesterase family protein	0.00010732	6.88	147	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	2782	1724	1223	1618	2471	1763	1169	3394	3883	8398	10342	9458	11877	12610	11496	9371	8748	19793	17667		
AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein	0.00010788	3.60	337	6	6	mpk6 DD	Col-0 DD	145144	166493	290749	361393	268489	151159	31532	39146	51178	82336	85976	90879	112307	175658	192270	104882	123155	236203	194248		
AT4G23670.1/AT2G	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	0.00010863	2.09	143	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	21692	18361	38253	27890	34620	40820	47890	51040	40408	44000	34193	27950	55969	48578	70145	75515	59983	56140			
AT3G02830.1	ZFN1 - zinc finger protein 1	0.00010926	2.90	115	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	71886	94443	70874	85628	61683	86444	84318	100887	76241	41337	45631	36232	36822	17879	23284	33646	40873	18039	28892		
AT1G18450.1	ATABP4, ABP4 - abscisic acid binding protein 4	0.00010331	3.79	87	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	13987	10296	7028	13774	8647	8338	77410	82829	77770	49759	46344	52006	32480	37743	24479	48437	59712	25974	30255		
AT3G28920.1	AtHB34, HB34, ZHD9 - homeobox protein 34	0.00011236	6.08	155	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	31904	46066	5674	7165	11743	6801	157718	214803	133137	92495	52562	55845	49913	71173	44039	93741	113687	67356	49853		
AT1G07820.1	phosphoglucomutase, putative / glucose phosphomutase, putative	0.00011504	2.92	66	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	2297	2437	4218	2821	4174	4391	1003	1822	954	834	1543	889	1091	1771	1213	1196	704	2026	2244		
AT1G08810.1	Cystathionine beta-synthase (CBS) protein	0.00011692	3.59	226	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	163005	188541	186581	189401	40721	152761	25498	48509	38551	31040	59834	47396	48236	34831	73407	44106	40192	34123	42705		
AT1G64740.1	TUA1 - alpha-1 tubulin	0.00011836	2.46	627	10	2	mpk6 DD	Col-0 KR	87287	80134	128044	133239	167841	146702	55398	83049	60646	59610	45462	65606	63453	74734	49068	54420	58301	25739	39512		
AT1G47128.1	RD21, RD21A - Granulin repeat cysteine protease family protein	0.00012414	3.40	90	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	41450	70106	102122	133862	46238	53369	134579	91477	144544	155640	219995	275453	264867	342103	235508	304072	137699	238854	263095		
ATG03170.1/ATG	Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	0.00012497	13.51	69	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	249	109	42	68	147	63	872	445	611	301	737	3955	3078	1124	510	3015	2430	1734	348		
AT3G76850.1	SEC5A - exocyst complex component sec5	0.00012475	9.84	233	4	3	Col-0 KR	mpk6 DD	12320	21974	3922	4800	7377	2367	173960	136313	121767	49417	30142	37758	56100	29394	28190	93265	68755	11396	26063		
AT5G05950.1/AT2G	FUM2 - FUMARASE 2	0.00012594	2.92	530	7	7	mpk6 DD	Col-0 DD	798744	914459	629506	583471	971914	1022843	164288	146619	174177	487627	385307	311681	299572	329339	579552	326192	271615	463010	525095		
ATG05545.1/AT3G	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.00012784	5.64	121	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	3668	4324	6785	24146	5542	5389	15890	24312	35570	54811	85353	70785	41194	14510	12271	4939	14243	3609	10908		
AT2G04842.1	EMB2761 - threonyl-tRNA synthetase, putative / threonine--tRNA ligase, putative	0.00013263	10.68	53	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	23711	19536	18451	26895	39409	29721	370	799	2451	3317	4505	5128	4252	2385	2165	2335	4939	14388	12985		
AT3G25760.1	AOC1, ERD12 - allene oxide cyclase 1	0.00013667	5.32	58	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	8537	34827	40959	49092	35473	40765	17599	12270	11249	4080	7204	8505	8894	8911	8964	4975	3092	6738	6757		
AT3G59020.1	ARM repeat superfamily protein	0.00013421	2.72	410	5	4	Col-0 DD	Col-0 KR	834950	824846	1219022	1378401	1582292	711775	575615	623085	425981	317035	329691	405002	445156	287250	277306						
AT1G27780.1	PTI1, RPS18A, PTI1-1 - Ribosomal protein S13/S18 family	0.00013573	3.47	89	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	18413	21216	25196	24697	32185	31135	16286	41141	34975	39898	27124	22073	18409	18168	39820	27883					
ATCG00480.1	ATP8, P8 - ATP synthase subunit beta	0.00013816	2.39	5023	58	56	Col-0 KR	Col-0 DD	79235658	81693256	71299272	77707659	86873902	87835110	32181678	29590227	28192112	69404208	68504316	58782148	59975663	132150130	134025147	85615046	82930047	150341987	125330461		
ATG59870.1/ATG	PEN3, PDR8, ATPDR8, ABCG36, ATABCG36 - ABC-2 and Plant PDR ABC-type transporter family protein	0.00014099	2.79	826	14	14	Col-0 DD	mpk6 DD	174144	170930	326347	340664	219106	172942	339091	393809	359226	1074783	687114	945775	761128	271319	257175	184227	228776	244101	220692		
AT2G39990.1	HSP60, HSP60-3B - heat shock protein 60	0.00014104	3.20	69	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	40094	37286	22584	33896	37839	37059	10186	10312	13962	12455	7385	10298	24307	15486	22220	29473	27162				
AT4G16360.1	5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	0.00014658	2.13	48	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	164689	169491	159177	156048	192603	199903	158615	158911	131915	87444	88430	73222	74672	69118	74386	78158	108530	86888	71580		
ATG643100.1/AT4G	ATMIN7, BEN1 - HOPM interactor 7	0.00014926	3.14	439	6	6	mpk6 DD	Col-0 KR	139898	142114	257135	255595	177209	189510	51992	61125	35041	113679	59963	87772	156841	63127	63906	50939	62395	74836	54606		
AT5G63490.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bem1 (PB1) domain-containing protein	0.00014487	13.17	94	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2064	2039	66	140	688	30	12337	16824	18553	6980	4984	12727	4523	1160	1298	3586	1410	1564	1012		
ATCG01110.1	NDHH - NAD(P)H dehydrogenase subunit H	0.00014774	3.29	181	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	25064	23411	41469	40668	74803	39050	51545	64978	63794	147196	148052	179963	136873	163185	158201	110735	109453	113103	148686		
AT2G21330.1/AT2G	FBA1 - fructose-bisphosphate aldolase 1	0.00015042	2.23	179	2	2	Col-0 KR	Col-0 DD	234978	216482	351352	394946	344027	283773	111261	127521	101257	158962	189984	250593	257301	367701	398345	322676	314633	488675	395293		
AT2G27795.1	unknown protein	0.00015216	140.19	142	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	109	46	316	338	105	91	52642	46051	43784	1942	980	2044	11845	646	813	13933	9725	768	825		
AT4G21210.1/ATG	ATRP1, RP1 - PPDK regulatory protein	0.00016003	2.23	709	10	10	mpk6 DD	Col-0 DD	1621040	1598626	1515046	1568267	1890489	1639660	371587	410990	463423	884235	1282479	854272	870448	1553814	1790085	1150943	1127585	1871086	1852658		
AT3G51800.2	ATG2, EBP1, ATEBP1 - metallopeptidase M24 family protein	0.00016034	4.84	64	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2724	18941	2217	2083	2107	3565	40337	9993	61792	16837	17882	16620	15215	15852	16817	14011	27695	21545	18202		
ATG545170.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	0.00016036	4.45	53	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	6840	3818	2918	3629	1596	2851	7132	4300	3615	17358	9257	13990	8745	24020	16490	10124	11717	13786	20176		
AT1G54490.1/ATG	CPN60B, LEN1 - chaperonin 60 beta	0.00016144	2.97	1347	17	3	Col-0 DD	mpk6 DD	1895387	2032679	1762895	2045367	2434410	2253283	433720	317878	316859	1136565	971009	755746	943807	1362194	1064734	1021474	708142	1708849	1497172		
AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component	0.00016175	2.59	884	15	12	Col-0 DD	mpk6 DD	620039	705196	1172094	1204866	1158271	1045045	1246300	1108227	1112938	2559000	1874099	2499261	2491414	2963300	2480841	2290133	2273837	3113648	2156689		
AT5G13560.1	unknown protein	0.00016302	1.22	57	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	208729	218422	287149	294523	274243	267180	569045	564334	489669	270743	219898	244466	330059	114969	105559	161082	157549	199365	146635		
ATG519701	rhodanese-like domain-containing protein / PPIC-type PPIASE domain-containing protein	0.00016715	2.43	126	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	124976	116787	150746	142470	159516	186068	35458	44423	44933	31431	52432	84343	89763	82932	102695	70638	77926	95008	95912		
AT4G05010.1/ATG	Plant protein of unknown function (DUF827)	0.00016196	2.52	1141	15	14	mpk6 DD	Col-0 KR	1738879	1689599	1889406	1944548	2545278	2575516	1575226	1613243	1514966	887783	815280	734459	723723	634838	761303	1014883	1243845	602489	648335		
AT1G76890.2/AT1G	GT2, AT-GT2 - Duplicated homeodomain-like superfamily protein	0.00017068	6.45	173	3	3	Col-0 DD	mpk6 DD	26633	19129	11697	6868	13206	6486	144907	141012	177932	54427	35774	41595	36170	27186	41023	59331	70981	30926	37299		
AT1G26650.1	GAPA, GAPA-1 - glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase A subunit	0.00017248	3.04	1265	16	4	mpk6 DD	Col-0 DD	5165846	5657531	3547875	3601850	4924101	5431795	1021857	701770	779961	2477957	1641813	1709655	1462776	4064208	3168717	3031514	1959295	1919874	2217514		
AT5G14780.1	FDH - formate dehydrogenase	0.00017483	2.51	127	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	84922	72711	52924	53003	58374	76867	30973	41881	33087	12308	25483	21265	20644	41737	44558	32342	43135	23476	49891		
AT5G42980.1	ATTRX3, ATH3, ATTRXH3, TRXH3, TRX3 - thioredoxin 3	0.00017888	43.67	53	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	241	227	489	0	0	688	9770	18024	17295	12541	12313	9495	4368	2077	7681	13663	12519	10605	7882		
AT4G37430.1	oxi.34-like family protein	0.00018178	3.28	43	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	16471	20818	21396	17727	19313	20559	6530	12648	10289	11350	4916	10233	2273	6592	5498	6883	5019	4127	7379		
AT3G20630.1	UBP14, TTN6, ATUBP14, PER1 - ubiquitin-specific protease 14	0.00018345	3.08	428	6	6	Col-0 DD	Col-0 KR	401668	441702	330398	346150	362203	395166	63223	39496	62642	168276	153825	210302	163628	175225	189121	132231	189274	221995	208841		
AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibility protein, putative / importin-alpha re-exporter, putative	0.00019797	3.22	57	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	199587	279269	317522	540618	141696	254423	69146	74898	58252	128453	86214	127301	158940	111751	117626	89893	83388	43881	91759		
AT4G14150.1	emb1967 - Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	0.00019896	8.54	46	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	5476	5418	4221	4004	5659	4713	754	378	190	1185	463	914	147	1925	783	1556	553	45	710		
AT4G26910.1	Dihydrolipoamide succinyltransferase	0.00019277	3.01	228	4	2	mpk6 DD	Col-0 KR	6246	11364	26547	20539	18271	22485	83506	71966	63481	39081	45504	30904	36304	40658	50021	38680	42257	41832	83234		
AT5G18570.1	EMB269, ATOBGC, CPSAR1 - GTP1/OBG family protein	0.00019783	4.62	62	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	34914	28263	54085	52812	59674	67513	20535	25866	9860	3424	10520	6521	4239	6982	4886	15911	23259	5804	7485		
ATG514910.1	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	0.00020158	2.49	181	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	89168	122462	156741	162463	249407	169043	210806	263484	343472	516805	305094	457868	261048	229659	423632	396834	515062	412196	386980		
AT4G03180.1	CHR18, CHA18	0.00020734	14.82	46	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	0	0	2189	432	0	0	1898	1048	1714	9413	8854	16697	5697	875	2527	7682	10411	1491	4494		
AT1G79920.1/ATG	Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	0.00020175	12.47	167	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	35612	37464	11940	13098	21565	13164	2865	4014	163	4939	3212	3993	2148	428	1748	800	2745	2784	2147		
ATG506010.1/ATG	HSP81-3, Hsp81.3, Atmsp90-3, Atmsp90.3 - heat shock protein 81-3	0.00020478	3.56	716	7	7	Col-0 DD	mpk6 DD	1408268	1388893	1830480	1647545	1492044	1506464	780809	943157	856897	2442748	2813976	3764854	3673247	1645411	2179690	2863576	3487936	2036636	2271606		
AT1G21250.1	Ribosomal protein L10 family protein	0.00020519	3.58	661	9	1	mpk6 DD	Col-0 KR	78668	58256	112920	136801	152945	243353	31368	19523	21855	29293	65581	31301	54200	50559	50591	78106	51689	68887	42105		
AT1G05090.1	dentin sialophosphoprotein-related	0.00020858	3.00	207	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	180294	153508	83176	86830	85408	120224	196756	126469	117975	109058	43103	102164	97576	23766	26291	58682	56564	36243	34626		
ATG092701.1/AT3	IMPA-4 - importin alpha isoform 4	0.00020849	2.87	73	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	34105	37979	40915	39449	41011	24120	6284	10872	14466	20055	21278	21344	12876	17770	9143	12659	6044	17868	12412		
ATG544201.2/ATG	LHB1B2, LHCB1.3 - photosystem II light harvesting complex gene B1B2	0.00021724	3.21	290	5

ATAG37930.1	SHM1, STM, SHMT1 - serine transhydroxymethyltransferase 1	0.000304388	16.84	48	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	143483	139243	30525	31625	33010	29333	252	2358	3794	3975	9117	6439	2284	708	13758	3009	9050	6328	9491	
ATAG46740.1	TOC75-III, MAR1 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 75-III	0.000319923	4.54	60	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2057	796	22463	17728	8001	8060	49151	48576	39130	32092	54214	38991	51125	29026	34575	60288	63145	37827	27828	
ATAG71710.1	AT-RAB2, ATRABB1C, ATRAB2A, RAB2A, RABB1C, ATRAB-B1B, RAB-B1B - RAB GTPase homolog B1C	0.000320486	2.69	88	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	32187	24752	38211	9989	25038	28859	62317	91803	62944	89561	62924	85429	43245	99739	41854	44736	60899	45178	44547	
ATAG31610.1	ATRG3 Ribosomal protein S3 family protein	0.000323404	2.82	66	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	12281	30438	44423	31726	48984	41457	65304	74091	108762	174787	102385	109161	53515	75521	56963	99895	122880	106642	94319	
ATAG26000.1	TGD1, BGU138 - thioglucoside glucohydrolase 1	0.000323772	2.70	211	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	56035	47478	49947	59202	36939	51995	65098	67828	80529	194350	155747	122328	101368	112270	140408	96765	104935	242291	116665	
ATAG20583.1;ATG	Nagb/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein	0.000347638	2.24	46	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	5901	6726	8073	12390	9011	10134	5628	3093	2877	2601	2293	4063	6618	3768	3665	3915	3630	6090	4118	
ATG54550.1	FQR1 - flavodoxin-like quinone reductase 1	0.000348364	3.53	94	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	3310	3779	17480	21734	23841	12008	54517	38377	35598	58898	43800	42718	64529	43168	19423	65853	36738	52211	56708	
ATG02880.1	Protein of unknown function, DUF538	0.000348674	4.34	43	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	23517	26623	25381	20624	9966	17386	15344	9364	9544	5217	2017	11413	7940	2735	4814	6335	5766	5579	3188	
ATG50808.1;ATG	SYP132, ATSYP132 - syntaxin of plants 132	0.0003488	3.20	57	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	52635	33106	32024	37119	39755	32192	10144	8336	4032	25786	20740	8394	15276	12888	10417	5390	20163	10030	12024	
ATG31990.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	0.000349771	10.16	117	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	100128	98857	110569	119409	134861	168498	69546	36796	38984	2487	4142	3515	9201	4856	9198	20451	28662	4205	4722	
ATG40650.1	ATPO - ATP synthase delta-subunit gene	0.000356873	2.66	1489	19	19	19	Col-0 KR	mpk6 DD	6345870	6638342	10179710	10796128	9200400	9066706	2775202	2990807	3192671	8681333	7612667	8172862	9348006	19588760	18753240	13120508	14002043	17373759	14650878	
ATG10580.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	0.000358637	12.33	52	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	270	302	159	201	47	219	5242	3172	3803	2208	1220	1119	465	1158	1479	3528	1703	165	1540	
ATG63490.1	Ribosomal protein L1p/L10e family	0.000359465	3.57	157	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	9018	9687	36006	45170	25003	29908	52963	35010	33942	39507	79841	73913	60692	86713	82046	73427	59821	142457	108070	
ATG04020.1	adenodulin binding	0.000360049	4.50	102	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	5968	21162	24444	15733	11965	9715	120656	88979	104854	46352	37758	32334	36071	7133	14682	26871	27996	28247	17295	
ATG27700.1	zinc finger (CCCH-type) family protein / RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0.000373235	42.08	61	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	170	0	61	0	120	0	4336	5093	3779	664	1143	297	1947	1413	89	1713	1028	108	199	
ATG52330.1;ATG	PSAH2, PSAH-2, PSI-H - photosystem I subunit H2	0.000377872	3.65	53	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	12295	8823	21396	19499	24805	18510	12627	44537	27140	77804	25853	60517	29619	70272	61115	85244	67091	51650	48632	
ATG01560.1	CLA1, DRT, CLA, DXS, DXPS2 - Deoxyxylulose-5-phosphate synthase	0.000381704	3.66	263	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	29083	38559	103937	95303	81939	54805	48321	48424	51315	126905	160523	122676	183617	292971	260474	190617	220551	300268	213062	
ATG60950.1	FED A, ATFD2 - 2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein	0.000384825	2.98	60	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	1045729	716135	1777070	2030294	1209749	1453122	910878	356526	455541	160162	401367	423091	517318	357300	368519	791608	565460	559313	530914	
ATG61340.1	SPK1 - guanyl-nucleotide exchange factors;GTPase binding;GTP binding	0.000386068	2.57	67	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	19945	29426	33882	27259	21590	30353	10841	18001	11741	15873	6178	14803	24507	12937	14490	7087	9435	11310	8059	
ATG13200.1	EMB2769 - Calf15 / Cwc15 cell cycle control family protein	0.000388359	5.56	41	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	62501	52658	62023	61177	67453	69023	654249	545370	544862	202698	115159	114725	255269	164266	116504	221223	196126	388388	101791	
ATG00670.1	CLPP1, PCLPP - plastid-encoded CLP P	0.000391087	5.30	53	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	99634	141037	215517	216649	208930	300544	7947	8149	11345	47751	92303	53640	36923	26021	115603	73774	59815	32220	22702	
ATG09640.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	0.000391467	3.38	66	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	68290	76919	40656	52260	57153	41158	10835	8889	6095	36545	15984	19507	18229	35173	42360	12572	14918	22391	18820	
ATG24581.1	DEAD/H-box RNA helicase family protein	0.000391526	14.51	43	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	1398	909	2059	571	103	599	1245	1110	2119	12416	15652	17985	12600	18885	17473	5017	8812	16798	14842	
ATG01920.2	MSD1 - manganese superoxide dismutase 1	0.000392308	4.74	55	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	2486	3829	3710	4507	2285	4569	6269	5835	6421	14565	5023	12531	9854	5329	24864	11175	15024	34218	10686	
ATG21640.1	NADK2, ATNADK2 - NAD kinase 2	0.000399606	3.15	113	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	13212	18684	14531	17008	20591	19641	1710	3548	1376	6629	5981	8687	10456	16246	15518	9282	10908	12957	15927	
ATG61410.1	RPE, EMB2728 - D-ribulose-5-phosphate-3-epimerase	0.000401572	3.79	200	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	450308	436640	215523	229080	247065	281333	58509	75552	74945	88759	94692	89293	91100	323288	232914	59253	71121	261918	214727	
ATG66040.1	STR16 - sulfurtransferase 16	0.000417153	250.99	68	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	44235	49539	9607	15649	24003	31937	971	0	0	1504	980	153	0	0	296	0	401	0	0	
ATG50570.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	0.00042175	2.65	252	4	4	3	mpk6 DD	Col-0 KR	465945	452028	745853	727483	908573	853054	482281	729744	835976	376249	305822	354532	372594	314364	194176	321836	348321	187275	201843	
ATG50500.2;ATG	HIT1 - Membrane trafficking VPS53 family protein	0.000422665	2.24	29	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	126086	70924	78769	110229	72427	78244	30955	22467	26490	28389	40517	67959	69563	34071	56299	36598	39121	33079	40633	
ATG61870.1	PTAC5 - plastid transcriptionally active 5	0.000424975	3.55	50	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	6151	6579	22988	31123	16045	18198	48810	16727	28623	60072	37923	54360	54369	57367	44770	55725	42677	88789	72299	
ATG43540.1;ATG	Protein of unknown function (DUF1350)	0.000427026	2.59	158	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	16361	11064	13687	14922	18689	16483	15563	21888	15233	48254	24608	16126	22047	44968	47107	22514	45059	46613	30291	
ATG27925.1	DEGP1, Deg1 - DegP protease 1	0.000437491	2.18	435	5	5	3	Col-0 KR	mpk6 DD	230376	349219	190729	212704	289899	368875	245663	266789	335086	635945	399825	457717	320122	581629	525469	474944	588471	782297	761175	
ATG11400.2;ATG	ATIF1, ATIF1p - mitochondrial protein translation initiation factor 3G1	0.000437628	27.32	68	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	623	401	235	365	0	309	6063	4362	1458	13252	8643	10594	5392	7198	5258	9097	11305	15248	4731	
ATG08680.1	ZIGA4, AGD14 - ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	0.000449792	3.73	145	2	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	50674	26893	34001	35723	37268	34194	213480	264736	224023	58065	69651	59250	62636	136078	130242	119930	147078	99274	92705	
ATG13300.1	VCS - Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	0.000451195	2.65	329	5	4	3	mpk6 DD	Col-0 KR	211862	197423	141395	98019	114525	176313	46347	118931	65863	71386	64227	63070	57550	75156	42933	37848	28590	117395	52072	
ATG25660.1	Amidase family protein	0.000451601	3.02	115	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	4435	4939	9607	15649	24003	31937	971	0	0	1504	980	153	0	0	296	0	401	0	0	
ATG45610.1	CSK1, ALS, AHK2, ATHK1, IMI1 - chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1	0.000477206	2.51	832	11	11	11	Col-0 KR	mpk6 DD	577028	614957	544155	524578	614995	641754	193862	230897	210683	783077	580893	450851	591248	1248101	1067702	968494	808700	1512050	983623	
ATG08530.1	Clathrin, heavy chain	0.000478283	3.74	814	13	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	298553	228208	199072	161448	186065	160502	63965	69958	71740	327280	181110	278548	151058	51001	34279	44065	69731	77810	52712	
ATG80210.2;ATG	BRCC36A, AtBRCC36A - Mov34/MPN/PAD-1 family protein	0.000481759	2.07	102	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	23739	21324	25143	26724	26141	22710	12081	8277	6765	13231	9172	12588	20166	16548	15342	14293	9765	17496	23569	
ATG58510.2	GAMMA CA1 - gamma carbonic anhydrase like 1	0.000489629	5.32	46	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	129470	117254	163681	129311	137383	196164	20293416	18198770	18543661	588923	550791	514366	423338	141107	366801	586664	527241	285140	243861	
ATG04840.1	Ribosomal protein S3Ae	0.000491322	6.04	417	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	4717	4327	0	0	0	0	9614	7148	7732	3983	8949	15975	6259	3772	9851	8022	13396	4075	15504	
ATG56440.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	0.000493497	2.74	317	4	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	653653	594707	479325	494405	729557	734538	451802	360742	464806	124608	188388	166810	166119	157241	170219	299175	348542	188365	180372	
ATG05530.1;ATG	RPT5A, ATS6A, 26S proteasome particle triple-A ATPase 5A	0.000495767	2.33	85	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	34498	34808	17407	15293	20015	16860	7362	10476	7469	13899	12627	11161	13475	11044	9643	7784	7273	7686	16120	
ATG30510.1	Metallopeptidase M24 family protein	0.000503811	3.01	291	5	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	266994	448161	298648	284018	380845	353153	62537	42974	65776	163578	170481	163823	119035	190943	194578	153362	79768	242360	246278	
ATG42766.1	ARM repeat superfamily protein	0.00051364	2.56	288	5	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	203601	209712	217671	245449	207558	257129	38551	45434	40981	130969	135830	133789	85937	115315	165348	79354	102557	109148	108233	
ATG49601.1	unknown protein	0.000517342	3.61	50	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	25265	11526	28226	33784	25271	36302	7362	10476	7469	13899	12627	11161	13475	11044	9643	7784	7273	7686	16120	
ATG52080.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	0.000518609	2.85	123	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	64626	65077	76732	71055	101301	86492	12023	13576	11229	37427	42721	25782	47921	41329	70265	36049	35129	59257	66557	
ATG54152.2;ATG	RNA binding Plectin/Eb1 domain-containing protein	0.000527056	5.06	92	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	20360	21102	43211	39739	62054	75847	2016	13077	10829	6128	11146	3785	13498	7278	29596	5708	10347	12414	8708	
ATG29120.1	Glycosyl transferase family 25	0.000529441	2.54	70	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	89531	112138	89020	91132	83791	69877	17221	16257	20682	76299	56605	52451	26696	57916	54103	35458	40545	48074	34195	
ATG70770.1;ATG	Protein of unknown function DUF2359, transmembrane	0.000529873	4.53	265	5	5	5	mpk6 DD	Col-0 KR	80752	87280	183588	224473	78405	88297	77544	174259	133181	29946	32348	49220	55854	34970	31870	23291	21682	29975	22161	
ATG43700.1	VIP1, SUE3 - VIRE2-interacting protein 1	0.00053173	2.03	219	3	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	485568	395180	270598	336300	446625	400167	298945	327833	414606	427843	329997	345471	255147	100465	197413	217891	346638	146047	139082	
ATG52320.2;ATG	unknown protein	0.000532307	9.30	42	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2784	950	891	2319	1991	2042	42598	17546	25245	2315	9207	10477	11693	2382	3961	10203	8656	2036	3546	
ATG05280.1	FTSZ1-1, ATFTSZ1-1, CPFTSZ - homolog of bacterial cytokinesis Z-ring protein FTSZ 1-1	0.000535207	2.30	400	5	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	260571	248713	324621	380252	401209	416908	349979	142759	165376	346034	400192	341236	469379	712978	818046	569349	493549	959367	752348	
ATG38970.1;ATG	FBA2 - fructose-bisphosphate aldolase 2	0.000539771	2.08	328	4	4	4	Col-0 KR	mpk6 DD	2864322	2606190	5152373	5638762	4920301	4823660	4533731	3049943	3593457	5347317	5619915	6992979	6875260	9083501	9419773	9941819	6690789	10227994	8831651	
ATG05250.2	RabGAP/TBC domain-containing protein	0.000554434	4.19	102	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	69725	74109	46780	55737	76292	63483	6222	4453	7141	36259	9630	15463	28370	22854	56463	9960	15437	36035	35409	
ATG54490.1	ARL1, ERS, MRH4, ATMRH4 - exonbunuclease 4	0.000555997	35.84	41	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	0	0	244	27	0	222	81	502	250	921	6437	6785	5654	246	2312	3134	1487	1980	2451	
ATG31890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	0.000563396	3.76	202	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	180429	179301	132549	178971	119187	158583	25734	13290	12017	57352	67886	42078	76355	120253	93898	55257	35792	131987	108402	
ATG30120.1	PDH-E1 BETA - pyruvate dehydrogenase E1 beta	0.000574975	3.43	422	5	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	80392	37043	79653	84709	96141	86130	117329	76479	116578	406264	222764	299718	196982	167891	320899	182978	318279	346996	254411	
ATG13450.1	ATP5 - delta subunit of MT ATP synthase	0.000578904	4.21	95	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	10296	8512	15440	9541	8820	8412	8595	9252	31026	63777	47567	38446	29142	33184	43589	33639	38806	62257	47205	
ATG01170.1	Protein of unknown function (DUF1138)	0.000585475	2.34	63	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	115301	85051	93950	103048	82147	96240	14428	30180	22895	60417	67172	51690	40432	86587	69728	68543	57197	97035	68606	
ATG07830.1;ATG	GRF2, 14-3-3DMEDA, GF14 OMEGA - general regulatory factor 2	0.000594437	2.23	468	6	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	26450	24197	34197	22180	19518	20790	30388	48769	54142	85544	46345	72575	45494	25209	52360	37681	48414	56207	49552	
ATG52570.1	unknown protein	0.000604246	2.40	422	6	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	77594	104046	155036	170409	186304	181273	124803	346010	428499	315008	209080	306766	213050	140450	200412	176138	260442	188921	148420	
ATG11860.1	Glycine cleavage T-protein family	0.000606203	2.27	162	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	377684	346370	211988	200962	264930	245906	62310	109694	95173	189569	117525	155773	118126	164049	102090	162485	191079	233335	207085	
ATG53840.1	RAD23D - Rad23 UV excision repair protein family	0.000612774	3.08	43	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	77206	79874	114359	132630	133878	137305	15487	15242	21152	18724	64368	62360	58629	50453	32268	51541	27099	58256	56255	
ATG42410.1	SHD, HSP90.7, Athsp90_7, Athsp90.7 - Chaperone protein Hsp5 family protein	0.000613448	2.03	1089	16	15	14	Col-0 KR	mpk6 DD	2193533	2336213	2579408	2541164	2138788	2005911	1321907	3423227	3528852	2335850	1549022	1995599	1513445	1081294	929227	1412162	1949788	1085365	966425	
ATG37130.1;ATG	NIA2, BZ9, NIA2-1, CHL3, NR, NR2, ATNR2 - nitrate reductase 2	0.000647575	3.55	1608	25	25	25	Col-0 DD	mpk6 DD	7430835	7754626	11260341	11101004	12232959	12454537	48594668	50597510	43379072	18654009	11019512	16300092	17524895	7793196	6443435	11209488	13203074	4842804	6330665	
ATG31780.1	ACT2, DER1, LSR2, ENL2 - actin 2	0.000652707	5.14	752	11	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	359417	375882	149802	104472	170123	118320	8569	20716	14915	75347	61570	95424	45239	48470	52726	41637	60774	20650	24398	
ATG01910.1	CRB, CSP41B, HP1.1 - chloroplast RNA binding	0.000658589	2.22	148	2	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	79910	70735	131599	119598	149116	126138	76370	129012	165603	181762	144250	182704	140021	391461	251074	189741	262233	207661	201287	
ATG62870.1;ATG	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein	0.000658822	7.78	114	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	135	833	2117	2039	2335	2604	3542	5556	3175	14145	12359	8297	9701	13990	10883	13790	9431	3193	26900	
ATG52760.2	unknown protein	0.000659071	2.64	54	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	20769	20864	11092	26067	12198	15259	5443	9762	9687	3475	7086	4398	8077	6542	5125	7610	6086	7687	7136	
ATG34670.1	PTAC16 - plastid transcriptionally active 16	0.000661591	2.17	349	6	6	6	Col-0 KR	mpk6 DD	864195	933968	540791	568690	644684	716781	196358	236099	219313	577992	510507	454715	424668	1085976	984194	612330	583779	739809	864762	
ATG20080.1;ATG	AAA-type ATPase family protein	0.000661682	2.21	207	3	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	19837	24559	44037	35338	37019	39154	14423	38679	75627	141468	60534	81848	46703	65726	60200	62688	78819	64912	92335	
ATG50962.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	0.000668299	2.85	120	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	692683	740244	965920	1307049	1646115	1317275	710211	425286	508920	1134814	310372	323455	316059	376613	224075	796243	410757	382934	365634	
ATG76030.1;ATG	ATPase, V1 complex, subunit B protein	0.000668641	2.68	1322	19	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	574770	585277	300402	314097	300335	319676	96574	66626	67239	187466	163296	182652	278292	274165	327050	202409	235888	391886	319364	
ATG61940.1;ATG	HOG1, ITAR3195, SAHH1, MES8, ATSAHH1 - S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	0.000670961	2.46	898	14	7	7	mpk6 DD	Col-0 DD	2009475	1821657	3104659	3542262	2113057	2487886	572115	478342	1026553	985157	1498616	1582855	1488021	1293101	1103165	1054378	941209	1246593	1375597	
ATG61407.1	AAE15 - acyl-activating enzyme 15	0.000676865	2.77	76	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	9362	9234	10768	10621	6340	4113	13785	13066	32633	23958	20220	35219	24317	9017	18852	19837	23354	12928	12324	
ATG02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.000683387	14.58	56	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	6454	2410	0	0	1	0	108	2336	2228	22206	18199	17221	37282	15223	19970	23309	12338	43611	14789	
ATG41540.1	PUX5 - serine/threonine protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B prime gamma	0.000686226	2.63	385	6	6	6	mpk6 DD	Col-0 KR	972832	981943	842350	863978	1025520	1157872	1021955	995073	925813	549220	353527	452464	378438	345778	271887	537675	578149	231881	250056	
ATG31540.1	protein of unknown function, DUF584	0.000686879	5.01	72	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	61112	74436	93908	135516	123745	125880	124959	92581	107988	32566	28531	19254	29821	9064	9082	32954	47763	15425	8419	
ATG31860.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	0.000690003	Infinity	60	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	0	0	0	0	0	0	4468	9509	8522	254	286	0	552	0	0	0	1141	0	0	
ATG63520.1	CCD1, ATCCD1, ATNCED1, NCED1 - carotenoid cleavage dioxygenase 1	0.000696446	3.00	77	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	3798	4231	20137	19254	13823	6031	26392	28317	18978	70589	25476	36291	30012	24687	31584	26501	38968	26726	27600	
ATG45510.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	0.000704843	3.06	77	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	27457	28229	58382	51237	73760	67238	26645	17037	16094	26446	16813	18722	28376	8841	12893	28990	15924	6807	26620	
ATG56570.1	ATNIFS1, NIFS1, NFS1, ATNFS1 - nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	0.000714303	50.67	46	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	16888	20676	17626	10859	21325	11708	0	0	4468	1465	816	0	0	7938	0	0	0	1141	0	308	
ATG10670.1	ATNAP7, NAP7 - nucleosome assembly protein 1-like chromatin assembly factor	0.000730199	6.05	42	1	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2217	1623	963	1062	1056	1147	2965	946	270	2391	864	2580	6860	9483	8350	8118	3816	11620	7402	
ATG58420.1;ATG	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein	0.000743777	4.54	126	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	1075	2457	18049	15989	26177	18851	40797	59984	75230	82395	71429	69943	37899	74526	51901	41451	75294	36494	32985	
ATG23440.1	UREG, PSKF109 - urease accessory protein G	0.00074393	3.33	51	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	7738	7987	24634	28185	13458	12056	27409	13239	18302	24790	46615	40919	56019	41922	43776	60684	35491	71168	59831	
ATG27250.1	DNA/ heat shock N-terminal domain-containing protein	0.000775389	5.79	49	1	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	56647	63229	7888	15225	9557	20306	1838	5071	3190	2776	7334	5728	8891	16581	9701	17298	13215	14432	17060	
ATG40180.1;ATG	ATFEH4, FEH4 - Hydrolase 4	0.000758329	2.99	115	2	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	22454	17337	35655	24587	30549	37953	102713	150461	113340	56376	48341	49713	46806	24370	29033	44888	46827	51892	36216	31362
ATG42830.2;ATG	Acyl-CoA N-acyltransferases (NAT) superfamily protein	0.000764243	2.66	58	1	1	1	Col-0

AT4G38710.1	glycine-rich protein	0.0010214	3.07	222	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	80113	82207	43460	47124	85526	81062	113801	185984	163749	79340	73892	59738	57075	33763	19745	52969	46197	36990	15388
AT4G38900.1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family	0.0010296	8.83	66	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	7929	9612	5129	6387	10026	10472	3940	7032	3269	891	605	378	6706	197	829	275	1968	1263	1079
AT1G43190.1	PTB3 - polypyrimidine tract-binding protein 3	0.0010364	2.78	107	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	7086	3427	32272	35203	15522	35540	54589	63911	67065	61803	41090	54009	74707	44677	55022	59939	79689	68414	51526
AT4G36690.1	ATU2AF65A - U2 snRNP auxiliary factor, large subunit, splicing factor	0.0010365	7.76	68	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	60417	59167	130275	130975	131028	144115	1508544	1650640	1523679	400638	201640	352017	298027	128528	117195	454451	500963	195082	171907
AT2G43750.1	OASB, ACS1, CPACS1, ATCS-B - O-acetylserine (thiol) lyase B	0.0010446	3.96	41	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1141	9804	3245	2738	7508	2614	3088	5628	6251	15736	9749	17144	7137	10965	15147	17970	17773	28616	17474
AT1G20540.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	0.0010495	4.68	42	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	328	1520	277	205	372	1279	1718	784	754	4252	3062	4584	4425	3968	2245	3989	1346	3369	3723
AT1G44910.1	ATPRP40A, PRP40A - pre-mRNA-processing protein 40A	0.0010552	3.63	283	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	82448	78265	120760	147881	97045	92897	537643	428549	554578	153695	147127	167550	140743	65947	47124	135199	135723	60882	57564
AT3G19530.3	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0.0010559	16.34	68	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	10430	15359	34152	19265	22540	30404	1044	2118	3758	385	8	745	1180	2704	4345	2204	3350	4176	322
AT5G26742.3	emb1138 - DEAD box RNA helicase (RH3)	0.0010664	3.04	43	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	9800	11325	14335	12994	12731	11905	994	5371	1973	3564	7447	4957	3709	7560	9447	2629	6917	5830	7360
AT4G14160.2	Sec23/Sec24 protein transport family protein	0.0011019	2.77	67	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	82252	83052	35014	34069	34760	41967	25097	18619	26870	32732	26811	28024	31181	31172	18127	13822	7896	27856	13411
AT2G02160.1	CCCH-type zinc finger family protein	0.0011062	7.66	186	3	3	Col-0 OD	mpk6 OD	34732	77068	56728	37026	65144	126991	1003777	869128	845288	246884	121515	215555	255321	143519	104094	184022	284475	45751	115807
AT1G12850.1	Phosphoglycerate mutase family protein	0.0011092	17.04	47	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	1068	393	611	860	363	130	20002	53614	59010	5636	1876	6326	1589	475	2761	2740	11325	1197	1104
AT1G62750.1	ATSCO1, ATSCO1/CPEF-D, SCO1 - Translation elongation factor EFG/EF2 protein	0.0011136	2.35	335	4	4	Col-0 KR	Col-0 OD	141395	164893	180535	176067	129089	137213	52960	28883	29615	68185	86730	99519	151530	235545	162200	130480	105184	198867	210767
AT4G03520.1	NTM2 - Thioredoxin superfamily protein	0.0011188	9.61	74	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	75639	75151	22850	16511	36225	44837	2142	908	1653	4523	14322	3190	6198	30688	29149	4020	1551	27884	18002
AT1G48830.1	Ribosomal protein S7e family protein	0.0011447	4.67	42	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	2610	2719	4937	5109	5743	5172	2178	4456	5161	24299	19565	11090	12587	20423	21957	12362	18877	27118	22011
AT5G19740.1;ATSG	OLI7, RPL5B - ribosomal protein L5 B	0.0011597	2.66	1333	17	17	mpk6 OD	Col-0 KR	13684646	14509722	15600205	15965899	19137691	20088043	15210045	21282259	20243078	8916502	7568048	6528583	5793289	5490923	5375903	7361504	9561940	4222293	5130494
AT5G62790.1;ATSG	DXR, PDE129 - 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	0.0011659	3.65	49	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	24803	39172	42684	23807	32222	23016	5453	17358	1588	6136	7886	10124	10756	20649	16742	7058	11830	35545	15095
AT4G09870.1	unknown protein	0.0011693	2.66	3.99	243	4	3	Col-0 KR	mpk6 OD	11326	10838	18330	26896	12752	13208	26420	11923	10721	42687	50570	58882	74782	65801	59880	58333	38932	86034	58761
AT5G40220.2;ATSG	BIP - Heat shock protein 70 (Hsp 70) family protein	0.0011883	3.90	387	5	1	Col-0 OD	Col-0 KR	121376	130612	134106	143935	91057	128272	319152	236910	219786	86949	40426	67463	132270	24468	22962	68517	69671	28676	28249
AT3G27530.1	GC6, MAG4 - golgin candidate 6	0.0011897	2.23	242	4	4	Col-0 KR	Col-0 OD	345082	395051	325014	379864	323497	383667	918476	1022247	899341	561613	333832	542136	445032	265355	280199	361468	475811	202855	230727
AT5G08060.1	unknown protein	0.0012047	2.37	57	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	26121	24633	29038	31914	51563	36911	7975	9285	16564	20287	13123	23843	7388	34447	26342	15876	26010	18166	17078
AT2G36460.1	PTAC12, HMR - plastid transcriptionally active 12	0.0012053	2.74	881	11	11	Col-0 OD	mpk6 OD	1987501	2055921	2105376	2144640	2325419	2551688	9384769	9763130	9470664	3828889	2641580	3683520	3279264	1473356	2004084	2677541	3736777	1939089	1787865
AT3G15980.1	Coatomer, beta' subunit	0.0012404	3.08	237	3	1	Col-0 KR	Col-0 OD	493135	503114	323562	357977	325539	348634	535697	982948	1000176	352631	279967	333808	300287	92272	157908	238173	319023	151204	95382
AT5G57790.1;ATSG	GSP01 - glucose-6-phosphate dehydrogenase 1	0.0012412	2.50	199	3	3	Col-0 KR	Col-0 OD	173867	201635	77987	96714	136557	157340	65634	25888	25470	80041	60906	68228	66873	159254	117987	75319	74474	118097	124737
AT2G45540.2;ATSG	WD-40 repeat family protein / beige-related	0.0012426	3.35	414	5	5	Col-0 OD	Col-0 KR	170794	138862	248069	239511	166002	169312	478978	453773	380421	129377	107209	147073	188941	71853	65404	100474	124216	51875	68949
AT4G22240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	0.0012476	3.43	143	2	2	Col-0 KR	Col-0 OD	15304	39926	15653	11826	8400	7786	19694	20431	17969	69875	36032	39288	17333	106819	58601	44405	40143	43718	45386
AT4G30680.1	VHA-A3 - vacuolar ATPase A3	0.0012477	12.11	50	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	17867	2016351	77987	96714	136557	157340	65634	25888	25470	80041	60906	68228	66873	159254	117987	75319	74474	118097	124737
AT3G07770.1	Hsp89.1, AtHsp90.6, AtHsp90-6 - HEAT SHOCK PROTEIN 89.1	0.0012737	4.13	101	2	1	mpk6 OD	Col-0 KR	30822	30112	11266	11278	22511	13842	9258	6710	4035	12207	4690	5962	3356	1163	10903	1346	5726	4122	5769
AT2G44530.1	Phosphoribosyltransferase family protein	0.0012876	3.04	227	2	2	Col-0 KR	Col-0 OD	18503	24261	69918	70799	54940	54840	52292	52874	37865	101809	162790	101653	132215	140121	161360	144335	148832	168929	128021
AT5G24020.1	MIND, ARC11, ATMIN1 - actin nucleation-site determining protein (MIND)	0.0012909	43.89	44	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	840	220	376	0	490	527	455	256	23450	17442	20282	15345	16329	23238	14997	28233	13616	11244	
AT4G34390.1	XLG2 - extra-large GTP-binding protein 2	0.0013293	6.62	57	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	8305	7896	2151	5900	4538	5458	27139	29964	22593	3183	6928	13297	5666	3512	1737	3685	710	2079	2365
AT5G35630.1	GS2, GLN2, ATGS2-1 - glutamine synthetase 2	0.0013413	2.05	1442	17	15	Col-0 OD	Col-0 KR	9470624	9020061	8475175	9494511	10291733	10287556	2978122	2290149	2693831	6719750	7361329	6943763	6358888	11105673	8448502	8980573	6916698	15161734	11404549
AT5G47450.1	CAO, CPSRP43 - chloroplast signal recognition particle component (CAO)	0.0013624	2.94	2.17	128	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	1563141	1783655	123193	176489	156358	143509	25347	106464	50877	97389	70477	94957	76910	112411	147577	67630	91042	103931	102059
AT2G40490.1	HEME2 - Uroporphyrinogen decarboxylase	0.0013741	4.54	61	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	9794	11390	15412	23610	18556	19624	6597	3883	2166	12810	15750	33333	56131	83783	74848	68565	37071	122257	60100
AT4G02240.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	0.0013747	2.31	420	5	5	Col-0 OD	Col-0 KR	230672	255897	618845	698771	655317	540740	857945	725337	789931	1473531	1296225	1497853	1429901	644132	572008	867777	759891	684855	556562
AT5G51110.1;ATSG	Transcriptional coactivator/pterin dehydratase	0.0013813	2.08	272	4	4	Col-0 KR	Col-0 OD	370377	356046	392634	474018	488917	493664	196732	120322	177364	421479	405349	318549	382675	579209	584743	468458	540591	796065	637549
AT4G05090.1	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	0.0013867	3.11	45	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	6505	7687	1027	6922	874	1016	16102	9841	6493	15357	9915	17937	11636	11480	17256	8197	10526	13617	8190
AT3G10420.2	SPD1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	0.0014134	2.01	159	3	3	Col-0 KR	Col-0 OD	130982	91850	90840	94606	124340	129718	113696	84030	67975	41255	67862	36294	51165	45460	61667	40842	60607	54031	67550
AT4G22710.1;ATSG	CYP706A2 - cytochrome P450, family 706, subfamily A, polypeptide 2	0.0014211	3.88	254	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	26894	25533	49368	65648	28892	27320	48820	50237	41340	204779	144244	224372	222174	39240	38008	31720	32351	33629	32094
AT4G00440.1	ATMES10, MES10 - methyl esterase 10	0.0014302	3.68	93	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	4742	7957	17241	23864	20855	16132	3866	4858	1084	5831	3336	4113	5671	6777	8349	5082	6152	5953	7755
AT2G29630.1	PYL7 - thiaminC	0.0014404	6.66	2.83	211	3	3	Col-0 KR	mpk6 OD	13480	23919	71765	89345	77972	92342	106888	160775	151699	164614	137085	157723	111544	110310	132042	219036	272553	174813	133372
AT4G36020.1	CSDP1 - cold shock domain protein 1	0.0014438	4.14	98	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	51235	57917	52324	54107	79243	90247	52775	37786	52340	22065	11478	14587	7944	14617	12548	26352	24499	4261	10732
AT1G21380.1	Target of Myb protein 3	0.0014574	2.23	682	9	8	mpk6 OD	Col-0 KR	2695949	2701282	3504935	3975473	4038134	3810571	3195850	3124422	1324708	1379463	1580054	1794604	1236054	1539566	1933070	1932458	1401684	1225145	
AT2G32080.1	PUR ALPHA-1 - purin-rich alpha 1	0.0014599	1.13	92	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	0	264	2840	2227	2994	3245	0	0	0	0	0	0	0	361	0	0	509	0	
AT4G12770.1;ATSG	Chaperone Dnaj-domain superfamily protein	0.0014625	2.82	348	4	4	mpk6 OD	Col-0 KR	52976	34948	48113	57368	63480	74292	153966	147390	150000	105516	59863	102964	75790	11708	27818	64986	70562	44715	22191
AT2G14120.1;ATSG	DRP3B - dynamin related protein 3B	0.0014638	4.05	507	1	1	Col-0 KR	Col-0 OD	116568	113630	68561	91798	71243	68344	8283	11875	6550	19001	34450	32735	43243	65988	10516	27486	20189	52559	64077
AT2G27710.1;ATSG	60S acidic ribosomal protein family	0.0014719	2.77	1048	11	7	mpk6 OD	Col-0 KR	1767382	1564294	1232351	1510665	2057622	1561818	1660560	1965155	2457778	664292	983306	627263	651638	391511	461492	994174	717792	413780	521496
AT3G48110.1	EDD1, EDD - glycine-tRNA ligases	0.0014839	3.19	49	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	38357	34802	29928	66468	27944	36046	6011	2851	4230	12381	19440	18451	21972	34569	17994	22782	16180	39217	24661
AT4G15420.1	Ubiquitin fusion-degradation UFD1 family protein	0.0014933	3.04	126	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	5847	6788	9080	9403	8052	8689	2307	2696	5196	4488	3877	6461	8756	2255	1662	4387	3154	695	3608
AT5G40090.1	Calcium-binding EF-hand family protein	0.0014964	2.90	66	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	15342	17838	33324	32779	31423	23592	5585	2721	5367	5010	16217	19425	7661	16363	10869	11155	7561	15579	15876
AT2G19480.1	NFA02, NFA2, NAP1;2 - nucleosome assembly protein 1;2	0.0014980	2.59	93	2	1	mpk6 OD	Col-0 KR	40211	47924	68598	59310	53073	71434	28327	39666	55487	16573	22655	25358	20773	9082	19407	17725	50343	21514	13305
AT5G58220.1	TTL - transthyretin-like protein	0.0015392	4.21	248	3	1	Col-0 KR	Col-0 OD	2107	541	4408	8842	6640	7899	3564	7302	9420	4890	4426	5375	10194	28918	27079	12761	12266	27984	19101
AT5G67100.1	ICU2 - DNA-directed DNA polymerases	0.0015597	2.20	79	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	58366	80399	29157	34301	22790	25259	11616	81555	8268	80740	82657	107032	59376	49982	81938	46062	72982	28363	
AT1G64550.1	ATGCN3, GCN3 - general control non-repressible 3	0.0015424	3.85	103	2	2	Col-0 KR	mpk6 OD	12158	16537	10567	8787	7627	9052	13761	16305	11165	50015	59111	69316	51142	47926	34977	42230	18473	55115	50396
AT4G02030.1	Vps51/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	0.0015476	46.58	56	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	0	21	0	543	0	10248	4176	4202	1575	3022	4286	3122	0	0	2064	1086	1726	1725	
AT2G13800.1	Ribosomal protein S5 family protein	0.0015488	2.70	223	3	3	mpk6 OD	Col-0 KR	62635	66798	38743	33690	64020	59853	11941	12574	7441	51628	13036	23019	21097	39222	22352	29672	18649	16983	37884
AT2G42690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	0.0015746	3.43	49	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	10277	17655	8299	13303	16186	18256	44525	21358	40940	69908	44276	41154	69065	8599	59338	45898	52279	66534	55106
AT3G04790.1	Ribose 5-phosphate isomerase, type A protein	0.0015810	7.67	72	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	3154	1613636	82175	106091	127528	122821	6683	18591	2223	45361	43841	32335	23631	160175	131047	17897	29069	132968	76494
AT1G56410.1;ATSG	Protein of unknown function (DUF1313)	0.0016235	7.95	247	4	4	Col-0 KR	Col-0 OD	15592	28711	37019	36305	35623	45821	307516	252691	240468	39334	31889	48823	43753	45040	7641	12509	23460	7047	8279
AT2G00540.1	PETA - photosynthetic electron transfer A	0.0016255	2.25	85	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	47611	46041	37185	31429	35777	54713	6965	15491	11523	25758	35732	27027	26890	51364	61486	31282	35852	50189	57826
AT2G42550.1;ATSG	P2PA-3 - protein phosphatase 2A-3	0.0016433	3.89	137	3	1	Col-0 KR	Col-0 OD	4844	4453	22443	26042	5265	2255	42678	9882	27350	45028	68097	47465	56066	20229	29730	33093	19255	39212	33843
AT1G09795.1	ATATP-PRT2, HISN1B, ATP-PRT2 - ATP phosphoribosyl transferase 2	0.0016477	2.53	133	2	2	Col-0 KR	mpk6 OD	47435	43686	52075	38627	62440	53966	5448	8040	14108	22704	41199	24841	21424	45886	48422	23351	29900	39471	35529
AT1G19870.1	iqd32 - IQ-domain 32	0.0016576	11.45	54	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	3696	5177	1722	1031	4203	2327	0	1849	0	0	0	0	0	1735	0	562	0	927	
AT2G21230.3;ATSG	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	0.0016663	3.38	75	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	24060	26661	31458	38957	45070	47610	21137	23005	18015	15877	9120	5827	15215	7568	12436	12791	19694	2138	8707
AT2G65730.1	RTM5 - xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 6	0.001671	3.34	117	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	20045	24270	58768	69226	69758	71819	55992	63254	64732	249512	164106	219999	141190	223556	182447	134849	160704	124847	225540
AT1G02780.1	emb2386 - Ribosomal protein L19e family protein	0.0016736	8.23	192	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	24810	17871	64929	53775	91262	100255	32628	68088	57963	15054	6173	7035	9011	2540	4000	13738	19501	2008	1067
AT3G46970.1	ATPHS2, PHS2 - alpha-glucan phosphorylase 2	0.0016786	3.32	216	4	4	Col-0 KR	Col-0 OD	85887	121102	239095	242037	206532	238187	14151	21060	25067	60134	73783	116582	86769	95495	84983	88923	70259	113412	114918
AT5G45390.1	CLPPN, NCLPP4 - CLP protease P4	0.0016917	2.34	1247	14	14	mpk6 OD	Col-0 KR	7676321	7082537	5925578	6540333	6665152	7044983	1666182	1163003	1116502	3563591	4534085	4020960	4310898	7092751	6232095	3865535	3478976	6546843	4717583
AT4G16630.1	EMB2754 - Vacuolar sorting protein 39	0.0017197	47.52	43	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	0	360	293	0	0	7938	337	12648	2376	4186	6126	2569	0	766	4797	1524	2238	1522	
AT3G54620.3;ATSG	BZIP25 - basic leucine zipper 25	0.0017339	224.70	52	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	13	0	15	23	10	8	6226	2670	4259	1118	1567	2382	0	749	542	1285	845	1554	923
AT4G04210.1	PUX4 - plant UBX domain containing protein 4	0.0017398	3.03	145	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	57820	659660	364212	357814	439914	506527	514910	628401	659769	256706	231860	220293	133010	117884	164461	170163	311777	95048	98976
AT5G01790.1	unknown protein	0.0017426	2.88	119	2	2	Col-0 OD	mpk6 OD	61881	65069	62368	52722	48952	40886	13675	319004	283040	129958	77545	116063	56162	41950	60830	45803	67056	79766	51701
AT2G26460.1	SMU2 - RED family protein	0.0017463	Infinity	120	2	1	Col-0 OD	mpk6 OD	0	0	0	0	0	0	12404	17220	16442	635	596	342	0	506	0	0	334	0	306
AT5G55670.1;ATSG	RNA-binding (RNP/RBD/RNP motifs) family protein	0.0017516	17.64	56	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	194	150	920	657	1146	788	18950	26611	23175	3174	2119	2770	2532	701	644	9175	5229	1142	2017
AT4G23630.1	BTI1, RTNLB1 - VIRB2-interacting protein 1	0.0017673	4.13	43	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	46861	57504	100214	107860	58421	59509	13045	644822	548892	131927	167089	118499	131685	98641	117932	147146	201135	90425	102978
AT2G40730.1	Protein kinase family protein with ARM repeat domain	0.0018040	2.28	510	7	7	Col-0 OD	Col-0 KR	1303713	1374792	1087262	1221479	1517812	1669707	2382879	2011521	2142832	894877	645620	968124	794371	624676	550459	672697	861774	452676	388533
AT3G47520.1;ATSG	MDH - malate dehydrogenase	0.0018078	2.42	148	3	3	Col-0 KR	Col-0 OD	110657	132924	78463	67513	102856	55517	57653	43005	50543	70444	134461	89606	95275	228908	131874	148424	99447	266278	247875
AT4G36630.1	SEC7-like guanine-nucleotide exchange family protein	0.0018284	3.08	55	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	14826	16761	21659	11082	14784	15661	16442	25701	15451	53459	8426	14091	11890	15809	5789	3439	6014	13751	5461	6107
AT4G00470.1	ATP-ATP synthase epsilon chain	0.0018323	2.37	248	410	6	6	mpk6 OD	Col-0 KR	10949981	1136430	1253754	1553383	1469237	1458648	2995222	2183336	2302557	2774405	2577733	2994283	2665930	1183326	898446	812128	606883	1212095	1083570
AT5G19860.1	Protein of unknown function, DUF538	0.0018602	3.03	59	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	3419	3351	8042	6092	5502	2856	31865	19295	20520	9406	6139	9891	6056	16713	9453	22367	17439	9632	13176
AT4G04650.1	PEX7 - high cyclic electron flow 1	0.0018831	2.19	44	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	10408	30608	30562	27814	27675	25207	5830	20358	16311	13012	26653	15927	13835	21251	47496	19120	33135	42133	43460
AT4G18480.1;ATSG	CHL1, CH42, CH-42, CHL11, CHL1 - P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein	0.0018879	2.82	320	4	1	Col-0 OD	Col-0 KR	149838	166443	105396	123782	147684	172644	20437	17426	25153	71421	76318	103796	43493	59784	80689	47113	30778	105592	80304
AT1G76970.1	Target of Myb protein 1	0.0019055	3.35	111	2	1	Col-0 OD	Col-0 KR	68728	88508	97203	123351	125592	143853	281833	232904	195682	70741	58693	69295	104290	29481	41001	62751	71752	25447	28645
AT2G27820.1	PDX1, AtPT3 - pyridoxine dehydratase 1	0.0019178	2.32	111	2	2	Col-0 OD	mpk6 OD	101054	64052	79050	99680	94631	46754	22920	18249	29000	19515	46606	47437	55546	64866	59056	37448	32309	71383	59396
AT2G45740.1	PEX11D - perixin 11D	0.0019534	19.55	46	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	0	0	935	899	235	511	1015	3469	4102	13829	16813	16091	3525	6414	6160	4386	4591	5094	4604
AT2G20260.1	PSAE-2 - photosystem I subunit E-2	0.0019604	10.35	56	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1093	3577	67	0	208	143	2829	5766	4004	3477	5594	2297	5263	10012	12242	6746	12716	2069	8899
AT3G57410.1	VLN3, ATVLN3 - villin 3	0.0019784	9.79	607	159	1	mpk6 OD	Col-0 KR	62167	44051	44377	47501	97526	53245	42178	165314	167777	41985	36618	41117	19963	12030	5360	19010	12301	3650	392
AT1G17100.1	DCL2, hema-binding family protein	0.0019951	2.89	92	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	22282	30486	26921	44985	23003	20599	47840	26552	76146	20155	35015	50045	83814	122385	76546	86806	34906	103280	70355	97970	92769
AT3G52860.1	unknown protein; Has 86 Blast hits to 86 proteins in 36 species: Archae - 0; Bacteria - 2; Metazoa - 41; Fungi	0.0019896	5.44	51	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	13708	14735	17413	9858	14205	14208	7517	8322	7791	5414	3023	993	11725	4483	1538	2666	4339	242	2194
AT5G08550.1	ILP1 - GC-rich sequence DNA-binding factor-like protein	0.0020158	10.68	44	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	3075	1055	4945	10091	1920	10306	86615	105829	130133	20231	16062	14059	18043	1288	3480	11385	34704	4485	5764
AT4G17990.1	ATERD12A - Dnaj - Sec63 Brl domains-containing protein	0.0020419	2.93	43	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	18523	24348	16508	15136	8304	7289	10041	11361	11789	14036	9948	17744	21604	15707	5525	5853	8933	972	4143
AT2G46180.1	NTRC - NADPH-dependent thioredoxin reductase C	0.0020480	2.78	60	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	38427	35744	36721	42457	43658	60182	9569	4348	4358	30261	19873	19744	19707	16203

Tabelle1

AT5G47010.1	UPF1, LBA1, ATUPF1 - RNA helicase, putative	0.002624183	4.36	75	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	444120	351698	166804	172158	188570	216020	77717	110227	90515	204621	208592	127358	102616	78910	120782	56779	75052	151885	124541
AT5G06600.1	ATSG UBP12 - ubiquitin-specific protease 12	0.002633768	2.53	392	7	4	mpk6 DD	Col-0 KR	mpk6 KR	51199	55093	82563	53543	55595	62564	372706	500040	481876	118568	78891	131745	83276	46834	53427	80471	139890	35700	47490
AT5G23360.1	Coatomer, beta' subunit	0.002646977	4.20	297	4	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	4416	15650	4814	11325	17436	9556	14680	26678	29578	39671	30287	13826	14110	27571	14288	25445	26598	39513	26870
AT4G14670.1	Ribosomal protein S3Ae	0.002661427	2.54	59	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	59227	61754	28849	36847	31596	37896	592	1076	895	7650	20594	17394	12317	42393	28856	10452	8342	42571	36368
AT4G52400.1	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein	0.002681397	2.21	54	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	9742	11976	15290	15635	12921	6395	16377	18709	15495	39965	30731	38554	25369	14732	17016	14785	26238	15951	17761
AT1G80480.1	PTAC17 - plastid transcriptionally active 17	0.002684962	4.84	55	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	5489	2955	13481	15390	1726	6564	6379	4113	2117	6165	6681	20183	43772	41528	35879	26944	21558	54958	39686
AT4G05580.1	SBPASE - sedoheptulose-bisphosphatase	0.002694015	3.51	42	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	25578	21562	29791	29033	11743	41226	21989	12653	12335	38094	49689	55058	89236	104098	77178	74965	51803	148164	100941
AT4G10670.3	ACLA-1 - ATP-citrate lyase A-1	0.00270025	2.26	227	3	3	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	25106	29568	93499	117197	54308	57110	114719	86311	90222	152135	137257	216750	194033	118151	125166	187583	106684	138274	94857
AT3G10050.1	OMR1 - L-O-methylthreonine resistant 1	0.002701981	2.37	155	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	26834	25273	22053	22852	27195	37358	3098	4563	4010	29458	10877	12051	15613	24379	24218	16021	19693	33462	22655
AT2G10050.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0.002704744	3.77	117	2	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	6866	14240	3618	9133	2522	1724	17937	12325	10164	26720	29365	21609	21669	4715	24676	28869	16522	33073	35850
AT1G69200.1	FLN2 - fructokinase-like 2	0.002711773	3.73	346	5	5	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	2564S8	267533	330004	320868	300465	326840	2004184	1878209	1862633	372881	336336	751278	631243	307373	262209	423473	564512	357942	331167
AT2G16640.1	ATTOC132, TOC132 - multimeric translocon complex in the outer envelope membrane 132	0.00271426	51.10	53	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	0	356	0	0	0	1488	9097	47483	43527	904	1946	3556	3380	1734	790	5494	6414	852	0
AT4G01701.1 ATSG	ATRIEP1, ATZNF67, PRE21 - pre-sequence protease 1	0.002717576	5.57	49	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	10474	16904	32270	31591	35522	34283	3192	9142	14525	1935	715	1735	2512	31995	4473	1487	3765	818	1350
AT1G32160.1	Protein of unknown function (DUF760)	0.002722226	3.70	66	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	25277	10432	13677	13164	13547	15324	105061	98818	87295	23133	29718	19609	30685	27651	25768	36863	30208	25775	29176
AT3G27830.1 ATSG	RPL12-A, RPL12 - ribosomal protein L12-A	0.002727178	51.26	43	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	0	0	0	0	0	1177	1927	0	0	0	32458	6750	4069	2900	20147	7614	10600	8718	354	12917
AT1G27930.1 ATG	CAB1, AB140, CAB140, LHCB1.3 - chlorophyll A/B binding protein 1	0.002781499	2.98	315	5	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	309867	291217	265353	337803	215335	257550	28091	13520	18171	128067	179292	158349	131521	301577	230780	184746	136643	258933	194313
AT4G28910.1	NINJA - novel interactor of JAZ	0.002798896	3.05	127	2	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	22417	22248	39695	56038	83610	59575	8388	17427	34901	15867	14163	19038	16134	7276	22151	25708	19045	10287	8592
AT1G45000.1 ATG	AAA-type ATPase family protein	0.002809506	5.31	174	3	2	mpk6 DD	Col-0 DD	74466	79191	26178	18857	22912	13219	6124	1169	2059	6829	20604	9375	5463	12731	8216	7675	3176	10682	16366
AT5G05010.1	clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	0.002834988	3.41	320	4	4	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	27743	30101	98374	107793	55720	42933	102894	59939	53463	249321	196026	392110	319268	188603	170810	220117	168377	269974	217852
AT5G70120.1	UPL2 - ubiquitin-protein ligase 2	0.002839951	2.33	728	10	8	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	1726318	1228086	1503378	1749649	1182864	1155931	2423811	2063161	2542142	931133	766338	1153679	912661	514785	507288	1026816	838295	564272	528667
AT3G06730.1	TRX P, TRX z - Thioredoxin z	0.002858031	2.40	44	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	6215	4587	12391	16499	21611	16999	25597	32687	31909	42821	32423	31542	22565	21043	10399	28514	35471	25424	20294
AT5G13630.1	GUN5, CCH, CHLH, CCH1, ABAR - maemosium-chelatase subunit chlH, chlorrolast. antisalve / Me-erotooorohv	0.002901437	2.09	54	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	38800	31124	54733	78700	59701	75290	53388	46082	46966	118834	79891	88380	69395	152591	89343	138480	82690	130808	114767
AT5G08510.1 ATSG	ATPLC2, PLC2 - phospholipase C 2	0.002919433	2.30	150	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	404855	411090	326645	384868	265119	258515	458206	675118	791432	274324	336421	356405	231317	173286	272639	230469	162075	148043	170275
AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein	0.002918022	3.42	112	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	7166	10868	14452	9884	45639	41874	132517	111460	109778	50818	42783	33267	37221	22752	32461	48491	36655	40478	30419
AT2G16070.2	PDV2 - plastid division2	0.002952469	2.77	62	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	30706	49361	53526	52664	14837	31029	168870	136796	162308	76001	57783	74812	72801	59859	38169	121788	74928	80830	53455
AT4G37940.1 ATG	ANAC6, MC4 - metacaspase 4	0.002958073	2.92	224	3	2	mpk6 DD	Col-0 DD	59765	57814	141372	122298	187850	114633	491852	428599	532704	250153	164195	164615	268446	120387	91121	129589	237248	173417	94891
AT2G27730.1	copper ion binding	0.002969357	2.52	83	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	23299	21279	24386	28633	26512	28246	7125	5170	3600	16955	10540	11375	15898	15699	13262	18432	11089	52273	30750
AT3G13870.1 ATG	RHD3 - Root hair defective 3 GTP-binding protein (RHD3)	0.003002045	3.44	79	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	13302045	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AT4G30810.1	ATGSTF9, GLUTP2, ATGSTF7, GSTF9 - glutathione S-transferase PHI 9	0.003017269	2.08	69	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	124959	93888	129391	160538	95808	136736	61725	33717	37256	64793	68673	85919	149842	190105	149117	120147	88918	197898	155433
AT2G16950.1 ATG	TRN1, ATTRN1 - transportin 1	0.003071894	2.70	188	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	104291	117087	266018	269782	150559	177254	29051	48441	37578	167792	99342	87639	96153	61738	73159	54204	78224	61915	72669
AT4G18860.1	WAVE5, ATSCAR-LIKE, SCARL - SCAR family protein	0.00307981	4.15	43	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	165271	258112	203279	219804	277465	265582	228755	248744	253777	163288	123313	127166	87709	118656	83737	141819	147703	94399	100165
AT1G03150.1	BSD domain-containing protein	0.003092179	2.37	116	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	196692	218863	219712	244622	222492	189432	865778	665419	776120	284648	356653	384795	281917	168932	184150	160622	290067	140876	126128
AT5G21170.2 ATSG	AXINBETA1 - S'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	0.003126836	3.65	62	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	208915	190581	126921	164376	188553	238974	177295	201383	153450	43172	36089	29710	68718	20620	16471	60153	90288	64468	34017
AT5G25980.2	TGG2, BGLU37 - glucoside glucohydrolase 2	0.003141469	3.59	91	2	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	9200	9785	15771	20796	8150	7706	103449	33628	69097	12109	28175	27846	24794	19427	20953	37260	20947	28354	28816
AT4G12420.1	SIU5 - Cupredoxin superfamily protein	0.003181762	3.04	44	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	3465	3359	9164	12564	3316	3082	4984	2150	3918	8793	7850	7618	17129	11912	12505	24538	16632	24269	16429
AT4G19110.1	UBP13 - ubiquitin-specific protease 13	0.003200123	2.42	310	5	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	299991	309576	119376	138237	262499	219303	71188	93415	159145	113861	54866	102831	55078	215669	98358	88001	76329	104455	110589
AT4G14960.2 ATG	TUA6 - Tubulin/FtsZ family protein	0.00320163	2.54	1030	15	2	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	3952530	3709924	5471780	6687342	7700464	6510219	1219709	965723	1244398	4286178	1486327	4248668	2676986	1320207	3083436	2303929	2423651	2256604	1985387
AT1G42550.1	PM1 - plastid movement impaired1	0.003203515	4.65	214	4	4	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	152356	185625	82347	100125	100029	89648	82486	154197	157475	26261	19821	21217	21185	18310	12030	20487	54724	11267	15828
AT5G48810.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	0.003224825	2.23	60	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	10774	32232	45238	47936	78165	75714	7602	11716	24904	31996	37273	25333	30094	65744	70013	38564	56135	48739	44156
AT2G34357.1	ARM repeat superfamily protein	0.00327412	2.02	158	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	165271	258112	203279	219804	277465	265582	228755	248744	253777	163288	123313	127166	87709	118656	83737	141819	147703	94399	100165
AT5G08280.1	HEMC - hydroxymethylbilane synthase	0.003314807	2.31	158	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	25903	31359	119094	139088	99103	113838	177023	203611	195571	87847	131474	173019	212741	180625	193837	235107	207724	207315	197566
AT5G12240.1 ATG	unknown protein; 1807 BlastHit hits to 1807 proteins in 277 species: Archae - 0; Bacteria - 0; Metazoa - 79	0.003356477	18.22	40	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	3127	261	1475	302	255	2130	0	221	0	223	0	38	365	0	2	58	2	0	0
AT4G16480.1	Ribosomal protein S5 family protein	0.003408808	3.76	51	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	47805	62702	88938	97238	90236	95537	452437	635186	455734	168393	113565	106535	184669	151852	129731	193639	234269	99404	144053
AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	0.003415619	2.89	361	4	4	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	174168	221420	194261	187067	228333	251696	1069058	655430	786522	297319	246155	265732	279426	105726	145615	236462	339609	118889	121259
AT5G21160.2 ATG	RNA-binding protein 3	0.003456014	2.43	210	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	63188	70364	50569	45818	76853	88120	127670	141223	108561	62502	48079	37919	56601	27797	29449	43986	47174	26264	31390
AT3G04260.1	PTAC3 - plastid transcriptionally active 3	0.003421462	3.34	222	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	115302	125820	84647	74845	73616	76214	508878	533067	156620	115620	175080	110945	100646	95660	126744	137109	69511	57271
AT1G20020.1 ATG	ATLFNR2, FNR2 - ferredoxin-NADP(+)-oxidoreductase 2	0.003433927	2.18	203	4	2	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	91192	103473	43521	26574	40215	50940	92399	58225	77598	116126	88440	85579	75260	172728	106098	169318	126425	129559	73274
AT5G20310.1 ATG	MIN-1, RAN1, ATRAN1 - RAS-related nuclear protein-1	0.003436239	17.20	116	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	3807	5219	23929	30842	38302	55212	11768	23226	2387	6296	2375	1740	1687	0	5707	1713	0	40	0
AT3G53890.1	Ribosomal protein S21e	0.003447953	5.53	42	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	112609	106402	56673	60644	84982	73293	58672	121275	66761	7384	9718	10018	11740	17231	10186	20662	25363	6311	9614
AT5G26360.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	0.003478602	2.45	144	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	125908	140205	78155	116048	117403	107833	33158	20808	13977	78292	50640	77203	51807	95439	68165	39231	57738	107097	61258
AT1G20960.1	emb1507 - U5 small nuclear ribonucleoprotein helicase, putative	0.003549956	2.72	373	5	5	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	275692	266670	309921	335269	273569	298800	1257544	1244659	1256788	527943	338324	537436	436628	331276	338156	494175	668806	269740	265820
AT5G57580.1 ATG	NDB8, AE3, ATHMDH2/4 - RP non-ATPase subunit 8A	0.00359249	2.21	262	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	53387	61821	109689	107851	101293	86523	71557	132018	150040	117593	288875	198799	188915	140199	212819	148836	236892	170733	178868
AT5G10630.2 ATSG	Translation elongation factor EF1A/initiation factor IF2gamma family protein	0.003615634	5.95	172	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	44553	40558	111728	145119	159682	191638	83016	95798	138473	17443	19171	13688	27287	12528	15144	28369	33190	11527	15688
AT3G43590.1	zinc knuckle (CCHC-type) family protein	0.003629153	2.14	42	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	Col-0 KR	3649	2717	5196	4456	5846	4995	11544	11526	9308	5043	4282	5461	9436	3251	2477	5677	3044	4517	3673
AT1G32400.1	AT-GTL1, AT-GTL1 - GTL1 -GT-2-like 1	0.003641034	2.73	99	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	74623	83904	55146	56805	61240	65659	52011	68112	56848	36227	19293	19144	27119	27703	25791	28815	32418	7945	23853
AT2G32980.1	unknown protein: Has 158 Blast hits to 154 proteins in 73 species: Archae - 0: Bacteria - 61: Metazoa - 0: Fu	0.003654943	19.34	88	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	12811	12746	11740	9873	14857	10871	5177	5518	5131	1066	222	1195	1853	0	496	1387	1556	0	330
AT5G16390.1	CAC1, CAC1A, BCCP, BCCP1 - chloroplastic acetylcoenzyme A carboxylase 1	0.003724926	2.07	119	2	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	977130	872048	646055	976850	704147	818944	725521	316815	259296	535956	584937	482183	994920	1123119	1068398	951247	662522	1729806	1367725
AT5G13260.1	unknown protein	0.003735278	2.50	168	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	96068	81694	99897	75197	78265	99696	93208	89734	78289	52879	34114	32414	51832	21385	29573	48659	61251	9765	39702
AT5G01410.1 ATG	PDX1, ATPDX1 3, RSI4, PDX1.3, ATPDX1 - Aldolase-type TIM barrel family protein	0.003751695	2.33	878	13	6	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	469470	500360	480684	429248	293056	321782	637833	322892	421005	597501	803605	757634	741453	1147795	612502	792287	504703	1444247	1321470
AT3G01280.1	VDAC1, ATVDAC1 - voltage dependent anion channel 1	0.00376632	9.97	51	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	19163	22097	16580	15365	18707	16344	142	1446	402	5368	1386	3186	740	14871	17	1299	1988	1607	606
AT1G18390.1	EMB1865 - CRS1 / YhbY (CRM) domain-containing protein	0.003854029	2.25	154	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	113928	133464	121319	124386	108239	109004	143156	169140	143646	85612	45029	79957	53348	44277	36545	84015	78412	32758	48007
AT1G66410.1 ATG	CAM4, ACAM-4 - calmodulin 4	0.004028486	4.17	300	5	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	93104	84180	98719	126357	155667	168745	318976	362124	475674	90024	83705	96270	76929	39479	58281	55562	83985	43327	28517
AT5G58870.1	fbh9 - FT5H protease 9	0.004033566	2.04	67	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	mpk6 DD	1618	2231	2386	2238	3101	2641	1562	868	1098	3073	3110	2677	4268	4548	3686	5241	4059	6149	5335
AT1G06550.1	CPL2 - Peptidase C12, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 1	0.004095247	27.40	60	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	0	0	1330	0	0	0	0	0	4259	9524	7565	10533	4241	1912	6095	2779	3988	2141	2346
AT5G47870.1	unknown protein	0.004106075	3.04	46	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	10463	8526	38741	36784	56573	27063	16481	61119	73707	125431	64364	64595	43246	122302	87062	84921	80845	86723	80568
AT1G28340.1	AtRLP4, RLP4 - receptor like protein 4	0.004115197	11.58	92	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	528	233	63	114	48	195	1432	149	102	2193	1526	4583	5897	531	1147	3365	2866	4443	1322
AT4G31740.1	unknown protein	0.004123592	25.36	111	2	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	759	628	1821	2274	1474	2557	91195	80541	71019	6316	3763	6337	22229	1771	1781	19337	14512	67464	2894
AT1G01910.1 ATG	GHMP kinase family protein	0.004148977	3.20	111	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	5321	4164	16729	18851	14910	12565	1570	1412	1427	6658	7378	2499	5526	8491	9103	8896	4422	15025	10773
AT2G46910.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	0.004227033	4.22	133	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	4426	2480	12611	15301	9873	6255	7836	4230	8873	33283	29041	40811	31219	35155	59124	25451	34673	30538	29907
AT1G79090.1	unknown protein	0.004236438	2.09	181	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	295447	325443	164894	181993	279232	265264	216554	283810	256975	178944	116418	112451	174501	104076	90359	166892	148450	145518	66563
AT4G05800.1	PP2A-4 - protein phosphatase 2A-4	0.004240805	2.06	160	3	3	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	30923	37667	87595	59481	56161	74130	106275	138536	132795	170474	82639	136089	63732	64036	67833	115976	63240	63999	46857
AT1G53850.1	PAE1, ATPAE1 - 20S proteasome alpha subunit E1	0.00425946	3.37	50	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	33967	37675	18745	16526	29245	18972	2263	1633	3520	8356	12836	14637	10485	19784	14679	14602	5122	28792	32886
AT5G10150.2 ATSG	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	0.00437224	2.83	76	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	4249	8636	12253	11173	5061	7703	17461	9049	11441	8709	16424	18916	30433	30072	9641	20970	14968	36180	27252
AT2G12130.2	Aldolase superfamily protein	0.004378508	4.07	79	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	8471	31662	542	4814	1292	426	16112	4283	11211	40552	22249	23632	48236	26345	41181	31288	39700	9650	44164
AT5G64160.1	unknown protein	0.004383701	3.89	97	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	27846	26873	24659	48335	41394	46181	281545	195377	229432	88446	44710	72075	65026	19366	25456	74043	109892	23005	24624
AT4G38225.3	unknown protein	0.004424962	2.09	99	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	52171	62631	41708	55825	59930	61377	19885	30726	26484	42090	30501	39346	31630	7301	26572	28636	41551	32576	23037
AT1G30470.1	SIP4 phosphatase-associated family protein	0.004426895	2.09	168	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	1882763	1585666	1212112	1462443	1392921	1471794	2036271	1419626	1927988	1024320	760182	1055809	781715	624611	1192247	1020375	1299719	665850	554276
AT4G27450.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	0.004473856	3.16	49	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	32733	29602	32626	23125	47950	50583	5078	1904	4556	10998	25294	13999	18250	13734	10840	12892	4617	18570	22898
AT4G28860.1 ATG	clk4 - casein kinase I-like 4	0.004480591	8.13	52	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	3358	5221	2960	3930	11477	16102	84375	77305	98009	22212	23075	14916	24750	1807	10491	37106	36727	13860	11554
AT4G03120.1	CIP2 and C2HC zinc fingers superfamily protein	0.004508524	6.86	56	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	3358	5221	2960	3930	11477	16102	84375	77305	98009	22212	23075	14916	24750	1807	10491	37106	36727	13860	11554
AT5G09390.1	CD2-binding protein-related	0.004509263	305.46	85	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	Col-0 KR	256942	325284	156723	188460	192836	249303	9952	187179	170493	0	0	1101	984	697	0	736	3051	0	0
AT2G28900.1	OEP16, ATOEP16-1, ATOEP16-1, OEP16-1 - outer plastid envelope protein 16-1	0.004529316	9.01	61	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	7387	6580	3810	5378	4185	4230	5317	12615	13880	103531	82542	92066	22069	7162	38048	14728	13474	24752	13831
AT5G16170.1 ATG	6-phosphogluconate dehydrogenase family protein	0.004555339	3.66	50	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	10717	12362	12262	13796	10011	12151	696	718	641	5250	4712	4422	6290	8372	9324	2389	4101	25004	6617
AT5G53440.1	unknown protein	0.004609093	4.32	155	2	2	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	3718	3774	20952	16069	4665	7283	71343	56908	60596	13191	19429	23157	39884	10862	4903	38400	21100	27034	13881
AT2G03820.1	nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein	0.004623446	3.56	151	3	3	Col-0 OD	mpk6 DD	Col-0 KR	412647	405692	642700	620490	582051	703881	1031154	1855414	1591052	562947	306398	610915	297971	284707	181525	440356	313162	168136	120193
AT4G31490.1 ATG	Coatomer, beta subunit	0.00464242	2.01	151	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	5039	7496	74796	144764	153634	110342	97568	60795	81605	94966	179913	121337	179499	92886	66292	67368	51629	84610	37225	39036
AT1G71270.1	PDE_TTD8, ATPS5P - Vps52 / Sac2 family	0.004668859	2.82	112	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	Col-0 KR	112651	94177	177659	219139	171160	137388	153398	297474	365793	126019	98500	180681	112875	64067	67561	113870	115843	50021	53558
AT3G22960.1	PKP1, PKP-ALPHA - Pyruvate kinase family protein	0.004715556	2.02	78	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	Col-0 KR	179511	189233	225767	244784	193189	227661	37029	81077	66027	59240	164265	160883	160114	119212	174032	101591	155213	128044	144008
AT1G32790.1	CID11 - CTC-interacting domain 11	0.00477592	6.23	45	1	1	mpk6

AT1G56340.1:ATG	CRT1, CRT1a, AtCRT1a - calreticulin 1a	0.006190049	2.58	1195	15	11	Col-0 OD	Col-0 KR	7835475	7892879	7886095	8158392	7743112	7443213	21147594	24936656	27798675	11518270	74270161	10053639	66205.36	5203039	4941531	7512320	10763782	4369970	3585020
AT5G24300.1	SSI1, SSI, ATSS1 - Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	0.006283649	2.00	41	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	58515	67949	71552	57061	59642	53250	18479	38066	20479	54820	35408	42230	45251	35779	40118	24698	29402	11626	41927
AT1G24460.1	unknown protein	0.006287522	3.36	222	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	215346	218573	152017	180249	223041	264770	909088	746824	775610	198729	186868	249169	222134	92428	85452	215661	243332	103473	97950
AT3G48590.1	HAPSA, ATHAPSA, NF-YC1 - nuclear factor Y, subunit C1	0.006307109	2.09	140	2	1	mpk6 DD	Col-0 KR	130767	154027	85772	86745	108722	108119	23356	53246	51537	115988	61865	78496	45984	43593	70395	49349	71286	45780	42359
AT2G18270.1	CKI72, ATGRK2 - CAK-interacting protein 2	0.00637716	2.55	124	2	2	Col-0 KR	Col-0 KR	36474	45214	45146	58050	60836	57752	9121	3492	10108	24199	44340	29982	45357	45092	55276	57153	33223	75705	98115
AT5G10940.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0.006395689	2.73	103	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	84139	44238	42881	41944	50962	33804	57889	40035	59507	29109	13221	30456	30192	15991	11973	25187	35732	4075	15989
AT3G14415.1:ATG	Aldolase-type TIM barrel family protein	0.006486065	2.10	1291	16	5	Col-0 KR	Col-0 DD	780761	740009	542433	593681	673658	560451	194785	198474	215913	814000	512281	602124	431984	1190802	952728	561549	583557	1174957	873146
AT4G10310.1	NDPK3 - nucleoside diphosphate kinase 3	0.006489311	10.27	43	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	63	65	477	346	581	45	552	2772	1840	5318	4415	3887	119	279	1688	2208	6283	1186	912
AT4G34110.1	PAB2, PABP2, ATPAB2 - poly(A) binding protein 2	0.006527461	4.61	41	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	7010	8928	2759	2292	2623	1944	6288	725	7002	14288	16750	13795	17604	15469	24412	16059	17911	21384	22477
AT1G07210.1	Ribosomal protein S18	0.006582461	3.84	64	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	10531	6181	17917	7222	14988	30833	581	4628	3045	4134	2304	4207	7730	1591	5824	6152	8574	5496	3522
AT1G04410.1	dehydrin family protein	0.006611144	12.20	74	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	23251	19173	34326	17867	24062	15712	332511	6379311	467795	72408	43268	25976	56609	37874	26263	108835	126134	196856	37004
AT4G13030.1	sphere organelles protein-related	0.006661491	1232.03	44	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	0	1079	1618	7853	6579	9040	1472	0	0	7	286	12	154	0	1	0	9	0	11
AT1G31730.1	Adaptin family protein	0.006662328	2.64	205	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	265447	181528	171648	190211	114264	116850	16728	18783	27508	77054	90001	132088	97745	119766	70142	39111	68379	78408	62853
AT1G15290.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.006711229	2.42	140	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	52067	45107	60620	56562	45551	50082	30056	51372	38668	7043	7102	8028	7696	23782	21327	19186	42180	24333	17047
AT5G61500.1	ATATG3, ATG3 - autophagy 3 (APG3)	0.00672994	3.05	40	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	42941	33500	17530	15769	21103	9430	23475	17909	24954	6364	6818	11842	10260	6997	8232	6167	9039	6592	9018
AT2G34460.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.006771053	2.09	43	1	1	Col-0 KR	Col-0 DD	6449	8396	23204	18768	16004	18170	10498	13650	7325	10094	15044	9129	4533	23879	23919	18544	18012	22967	18789
AT1G09620.1	ATP binding leucine-tRNA ligases;aminoacyl-tRNA ligases:nucleotide binding:ATP binding:aminoacyl-tRNA lig	0.006805107	2.63	181	3	3	mpk6 DD	Col-0 KR	52305	64132	88723	118537	97728	88228	12595	11404	9609	50510	53471	58146	48266	47965	27025	20548	19359	35962	42686
AT1G58270.1	ZW9 - TRAF-like family protein	0.006835457	4.91	92	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	9011	10096	11413	9106	13559	10420	15007	15254	15623	26016	15063	19155	42647	34043	21368	29363	13117	179617	34806
AT3G48890.1	ATMP2, ATMAPK3, MSBP2, MAPK3 - membrane-associated progesterone binding protein 3	0.006853589	3.11	78	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	77924	89010	275646	239983	223350	250661	943680	827393	824366	277137	328235	201235	262789	101994	113687	227790	287018	132665	128407
AT4G15110.1	CYP97B3 - cytochrome P450, family 97, subfamily B, polypeptide 3	0.006928137	2.52	109	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	5222	2832	25022	23459	7190	9238	21054	13649	14689	21710	21999	35441	72582	36605	34846	33763	27384	28480	22978
AT3G45640.1	ATGCN4, GCN4 - general control non-repressible 4	0.006933248	14.81	63	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	515	108	1020	140	423	414	11338	14216	11940	1367	709	1348	2368	1004	1529	1081	4512	202	141
AT2G01210.1:ATG	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	0.006945815	3.97	54	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	2193	2826	2751	2737	1445	1540	4336	11391	6609	1134	3740	3301	3103	691	2283	1459	549	165	2107
AT3G23400.1	FB4 - Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	0.007039052	2.90	59	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	29427	45460	35053	47616	48903	42822	11031	33981	43369	124354	52984	85725	49340	84838	153693	67214	97412	163114	156427
AT4G11120.1	SKB1, ATPRMT5 - SKB1 binding protein 1	0.007053629	44.23	43	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	1721	25566	67878	67939	48648	41902	5994	9995	10842	118	24	1023	21	462	1624	2218	20	0	0
AT2G19830.1:ATG	SNF7.2, VPS32 - SNF7 family protein	0.007059109	2.09	59	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	62745	63342	78887	63488	92729	89920	74548	90121	67765	39921	21651	29854	50055	37780	28751	43806	40056	35050	30664
AT1G49240.1:ATG	ACT8 - actin 8	0.007095535	3.04	1309	21	6	mpk6 DD	Col-0 KR	1556163	1465703	569286	561715	755529	592313	154982	180403	144543	511725	398953	367488	355649	628163	895198	208724	218888	676130	672230
AT1G09130.3:ATG	Peptidase C10 family protein	0.007097675	2.38	379	5	5	Col-0 DD	Col-0 KR	480000	458478	408631	490947	487425	412895	142316	212137	214707	175297	462416	392268	360532	386394	562644	652116	378893	454334	475895
AT4G27000.1	ATRBP45C - RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	0.007127726	2.43	81	1	1	Col-0 KR	Col-0 KR	50707	50652	29752	31705	51174	67432	7425	11687	15838	31975	56918	27117	44882	58473	73941	35730	65508	102818	71683
AT2G32700.1:ATG	LUH - LEUNIG_homolog	0.007128933	2.64	116	2	2	mpk6 DD	Col-0 KR	53736	59339	27955	21758	29367	28368	12667	19174	9572	27497	15663	13247	29666	20675	20355	7228	10867	3997	19921
AT1G20050.1	vacuolar ATP synthase subunit H family protein	0.007238128	2.76	97	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	63620	32583	75956	76648	55525	38251	11583	10150	7279	28091	35997	35421	34360	30455	6962	17223	10275	26947	32400
AT4G12060.1	Double Clp-N motif protein	0.007326257	2.27	229	3	3	Col-0 KR	Col-0 DD	364343	312484	194781	237763	346343	368032	74293	45624	57782	156473	300885	219094	196114	436525	407845	225073	155968	401820	412833
AT1G50060.1	SCL5 - scarecrow-like 5	0.007539135	2.91	70	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	21883	28903	20776	25713	23978	24650	3809	7978	8715	5035	8575	11002	13367	25526	4161	6557	31746	5351	3257
AT4G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	0.007571221	2.10	40	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	25152	16687	27301	24802	16040	29939	36961	19613	45207	95282	66942	80775	46567	41383	72579	43235	56605	52900	53804
AT3G46630.1	Protein of unknown function (DUF3223)	0.007583807	8.65	41	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2469	2564	2788	3204	3085	4484	224	0	201	181	1168	65	668	1974	1418	720	218	201	774
AT1G63680.1	ATMURE, PDE316, MURE - acid-amino acid ligases;ligases;ATP binding;ATP binding;ligases	0.007617862	2.73	463	5	5	Col-0 DD	Col-0 KR	835542	743685	894958	990165	1061401	1080985	3253486	2165288	2827616	812783	716751	1132071	998858	540839	465258	1056654	832882	362184	475407
AT2G00070.1	RPS8 - ribosomal protein S8	0.007667082	65.80	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	41945	46902	31469	37642	43012	37621	0	217	402	883	2495	0	233	13290	5886	358	0	10564	8692
AT4G23401.1	PIP1D, PIP1;5 - plasma membrane intrinsic protein 1;5	0.007694016	4.61	54	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	3732	2896	3138	3248	1591	1064	5767	1261	1376	11115	8298	14969	19595	13949	10779	11561	6688	16533	12703
AT2G05990.1	MOD1, ENR1 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.007775992	2.78	82	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	19975	26548	26068	32804	13070	12402	12163	9662	4568	18670	26293	19521	34436	55663	45990	33153	26081	71755	51299
AT3G51160.1	MUR3, MUR_1, GMD2 - NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.007801855	2.24	144	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	45393	67964	121721	115865	122511	143969	146313	138559	158752	153615	82269	60945	108775	101964	79431	34930	36877	46570	25146
AT5G03480.1	ARM repeat superfamily protein	0.008020745	2.27	381	6	6	mpk6 DD	Col-0 KR	385237	408814	633388	714698	528665	504969	147125	107469	95743	372183	310877	468678	416659	262917	163202	234626	241828	263816	232573
AT2G35500.1	SKL2 - shikimate kinase like 2	0.008023817	2.00	241	4	4	Col-0 KR	Col-0 DD	136676	169526	233613	250418	187390	185808	82412	55052	69811	180812	160170	174762	185606	280952	225486	217111	152222	331265	350821
AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	0.008074827	2.42	500	7	7	mpk6 DD	Col-0 KR	1392509	1360920	1318267	1229421	1353599	1476194	1713390	1952271	1717839	464601	492872	465643	649730	524936	491090	622807	709768	529588	475487
AT5G47690.2	binding	0.008115173	3.81	125	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	24957	28264	43194	48869	40949	38051	2092077	3051000	259224	38177	58454	72453	52138	24879	22928	60883	80654	27374	20971
AT4G20360.1	ATRABE1D, ATRABE1B, RABE1b - RAB GTPase homolog E1B	0.008230928	2.21	1599	24	24	Col-0 KR	mpk6 DD	11505238	11569266	21098571	25571599	13472750	12285522	13651345	6695778	7204781	22457901	19240060	36555402	33515790	26267528	43494183	32416994
AT4G04950.1	thioredoxin family protein	0.008247516	4.40	49	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	21292	24381	38860	47262	29777	58165	246272	240364	266081	176901	63509	88561	46623	7890	90383	78327	102350	21026	28593
AT5G18400.2:ATG	Cysteine-induced endosomal phosphatase inhibitor 1, Fe-S biogenesis	0.008265289	3.45	58	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	5077	5535	4762	8406	10069	6811	1790	578	1160	3355	5315	4832	7300	2184	1029	2107	1493	3288	1697
AT2G26590.1	RPN13 - regulatory particle non-ATPase 13	0.008302472	10.67	49	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	2609	1113	555	2809	349	417	5565	523	4922	24189	9387	17378	7917	610	11011	17530	16759	22267	15653
AT5G51430.1	EYE - conserved oligomeric Golgi complex component-related / COG complex component-related	0.008423514	2.93	54	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	17648	14140	18583	36404	11312	11658	2349	1769	1661	6293	11744	10211	13117	6524	4551	5455	3599	11033	6321
AT1G42120.2	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	0.008431843	2.21	1038	12	12	Col-0 KR	Col-0 DD	2140554	2411165	1918331	2097444	2286761	2539213	4043814	4576612	4201134	1838966	1194392	1783662	1446205	995324	1167892	1759915	1914571	781261	890574
AT3G16240.1	DELTA-TIP, TIP2;1, DELTA-TIP1, AQP1, ATTIP2;1 - delta tonoplast integral protein	0.008463351	2.26	258	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	41517	36243	119058	110299	50272	44093	91026	58373	48958	196734	123878	134773	142112	181917	160280	141484	96624	173915	154761
AT5G11670.1:ATG	ATNADP-ME2, NADP-ME2 - NADP-malic enzyme 2	0.008545487	3.04	124	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	13464	12022	16712	12985	32848	28850	19023	14958	7873	30897	39632	39068	46968	4506	8676	11163	6495	16248	8847
AT2G35390.2:ATG	Phosphoribosyltransferase family protein	0.008589544	3.02	239	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	46635	51348	40156	50145	41870	47874	52189	45452	35369	247918	170226	189122	159767	165354	135552	113818	80765	220903	122120
AT4G17740.1	SAY1 - Ubiquitin-like superfamily protein	0.008748736	2.46	1419	20	20	Col-0 KR	Col-0 KR	6816615	6938998	3148586	3544698	4137289	4837126	8370512	7688636	8156511	2830285	1960657	2867273	2578692	1813787	1560571	2926030	3187456	1152234	1353776
AT4G27320.1	ATPHOS34, PHOS34 - Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	0.008862531	2.80	113	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	14342	15474	48440	34104	33615	39183	146754	92026	100961	109955	44619	65308	45168	53937	25637	149803	83902	39741	47730
AT1G42480.3:ATG	unknown protein	0.0087555	1.03	170	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	16925	15529	31510	24727	12021	23317	81581	133871	101654	37604	24876	24227	34764	22509	21900	18538	44851	23053	13333
AT4G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	0.008867853	2.21	215	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	37425	36977	77249	89718	77801	75469	37139	39206	29487	64193	159488	53614	84063	180922	157028	70208	99140	189557	175390
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e family protein	0.008896878	2.88	62	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2141	3965	8768	4190	9099	8524	8361	10537	4501	33732	21095	24404	12247	11626	24685	10959	12371	26308	19547
ATCG00810.1	RPL22 - ribosomal protein L22	0.008963808	2.32	121	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	4889	7035	37103	36480	29207	28521	35324	34687	25810	68913	42873	57962	88265	56646	55597	63229	53320	41965	62066
AT4G22230.1	unknown protein	0.009070507	3.58	138	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	53215	80859	212043	257677	170616	211593	830692	986534	1138861	242710	298941	197975	426307	181254	266169	173893	478287	165805	215968
AT5G58220.3	TTL - transthyretin-like protein	0.009123044	14.95	161	3	1	mpk6 DD	Col-0 KR	1223	1952	4410	4386	3452	5233	5141	948	0	0	333	0	0	0	0	0	501	881	0
AT4G24480.1	arginosuccinate synthase family	0.00912723	2.60	60	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	13371	14821	10752	56201	24669	23359	39469	19041	12608	47851	32874	48323	89310	55289	58100	92397	56929	61065	48448
AT4G16440.1	ATCYSC1, ARATH:BSAS3.1, CYSC1 - cysteine synthase C1	0.009133681	2.25	70	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	26619	25952	55812	52519	45043	71134	160019	162051	111607	94159	64317	82537	42102	63726	52464	64837	70614	39858	41643
AT5G10360.1	EMB3010, RPS6B - Ribosomal protein S6e	0.009175085	2.18	187	3	1	mpk6 DD	Col-0 KR	48934	49780	54116	53969	98945	106066	98328	106368	99066	40760	42540	30981	41194	32364	28659	31103	38895	32055	25431
AT3G25690.3	CHUP1 - Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0.009180534	5.98	335	5	1	Col-0 DD	Col-0 KR	27566	16473	8114	8629	8755	1470	84656	72478	92382	21205	8248	22120	16392	5890	11144	9747	6534	9280	2878
AT4G15180.1	SRE-22, SRZ22, RSZ22, RSZ22_At-RSZ22 - serine/arginine-rich 22	0.009197993	10.33	49	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	1186	4839	2019	722	115	366	10719	11548	9942	2291	1528	4050	522	426	272	390	1570	281	473
AT4G35260.1	IDH1, IDH-I - isocitrate dehydrogenase 1	0.009255544	2.81	40	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	28934	29552	31543	34160	43075	46274	1736	5273	2301	8740	30089	19659	20892	25243	29071	8938	12778	25089	26816
AT1G03760.1	Prefoldin chaperone subunit family protein	0.009262873	7.33	95	2	2	Col-0 KR	mpk6 DD	124270	104223	30886	64216	68347	58200	103659	224635	208377	5430	14595	11787	18053	2991	14535	7848	39086	3753	345
AT5G08790.1:ATG	ATAP2, anac081 - NAC (No Apical Meristem) domain transcriptional regulator superfamily protein	0.009340136	172.94	63	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	227	0	139	93	210	0	9275	17051	11205	0	559	1544	72	0	0	0	197	0	0
AT5G47601.1:ATG	dentin sialophosphoprotein-related	0.009379205	2.59	1249	17	17	mpk6 DD	Col-0 KR	1445835	1455761	1312060	1297512	1659565	1799535	2518160	2155253	2220637	715876	486370	699131	599498	269042	378579	988896	1064130	366080	395384
AT2G34620.1	Mitochondrial transcription termination factor family protein	0.009414646	3.05	42	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	6826	6063	9795	20585	10370	11376	2589	955	1120	9235	8362	8127	10798	27416	15552	11158	9432	21853	22134
AT1G73750.1	Uncharacterized conserved protein UCP031088, alpha/beta hydrolase	0.009499282	2.40	50	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	17007	22663	18564	25220	11810	11794	37071	7483	7151	24937	32212	22061	32401	56542	41633	29244	22727	61489	45266
AT1G02560.1	CLPP5, NCLPP3, NCLPP1 - nuclear encoded CLP protease 5	0.009550263	2.14	372	5	5	Col-0 DD	mpk6 DD	2322576	2246527	1938070	1900591	2861298	2829263	341875	364557	535705	1748541	1856096	1568665	1293948	2768509	2091630	1049386	1434086	1872339	1894662
AT1G09210.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	0.009615331	2.85	1233	15	11	Col-0 KR	Col-0 KR	4789532	4862609	3939482	3944918	3869050	3673695	12229255	13693925	13975520	5613285	3141562	5227656	3820864	1849384	2183101	4302713	4957383	2021414	1847924
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	0.009665074	3.04	202	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	40897	42800	172278	184287	129910	160677	17115	21324	15640	31440	71880	57913	65114	43699	48435	38636	45450	70703	42298
AT4G27810.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	0.009707171	26.37	85	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	804	1015	399	1370	566	0	49004	31804	35014	1735	4465	2225	3580	2076	2862	10475	5591	2651	9027
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	0.009789291	2.06	64	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	21391	32981	46331	47633	32498	26138	10304	6760	9253	22337	22998	26798	18741	25273	11840	19830	13312	23677	22144
AT3G15220.1	Protein kinase superfamily protein	0.009802692	45.84	60	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	130	0	2411	1788	1621	1647	0	128	0	0	0	325	0	0	0	0	0	0	166
AT2G30340.1	ATP3 - gamma subunit of MI ATP synthase	0.009839478	2.07	126	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	44552	42588	52871	72930	35963	44745	56757	21586	24231	53352	51658	67723	111970	97056	81517	107507	63299	126687	122062
AT3G06670.1	binding	0.009849058	3.85	48	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	23872	22074	2742	8818	12582	10977	2707	1048	1327	8825	4356	5011	1299	5348	3734	5036	2574	852	4802
AT3G48840.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	0.009899416	5.38	85	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2150	1487	3737	2703	4309	3202	26007	32795	25708	4181	3716	7337	10696	2296	4192	4607	6539	230	2637
AT4G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	0.009930094	2.26	62	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	5613	4122	5062	1676	2973	1611	6034	11968	7167	4154	8792	6746	11005	7878	16262	7897	5050	3659	5420
AT4G20910.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	0.009615331	2.85	1233	15	11	Col-0 KR	Col-0 KR	4789532	4862609	3939482	3944918	3869050	3673695	12229255	13693925	13975520	5613285	3141562	5227656	3820864	1849384	2183101	4302713	4957383	2021414	1847924
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	0.009665074	3.04	202	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	40897	42800	172278	184287	129910	160677	17115	21324	15640	31440	71880	57913	65114	43699	48435	38636	45450	70703	42298
AT4G27810.1	eukaryotic translation initiation factor 2 (eIF-2) family protein	0.009707171	26.37	85	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	804	1015	399	1370	566	0	49004	31804	35014	1735	4465	2225	3580	2076	2862	10475	5591	2651	9027
AT5G49810.1	MMT - methionine S-methyltransferase	0.009789291	2.06	64	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	21391	32981	46331	47633	32498	26138	10304	6760	9253	22337	22998	26798	18741	25273	11840	19830	13312	23677	22144
AT3G15220.1	Protein kinase superfamily protein	0.009802692	45.84	60	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	130	0	2411	1788	1621	1647	0	128	0	0	0	325	0	0	0	0	0	0	166
AT2G30340.1	ATP3 - gamma subunit of MI ATP synthase	0.009839478	2.07	126	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	44552	42588	52871	72930	35963	44745	56757	21586	24231	53352	51658	67723	111970	97056	81517	107507	63299	126687	122062
AT3G06670.1	binding	0.009849058	3.85	48	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	23872	22074	2742	8818	12582	10977	2707	1048	1327	8825	4356	5011	1299	5348	3734	5036	2574	852	4802
AT3G48840.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	0.009899416	5.38	85	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2150	1487	3737	2703	4309	3202	26007	32795	25708	4181	3716	7337	10696	2296	4192	4607	6539	230	2637
AT4G25754.1	RNA polymerase I-associated factor PAF67	0.009930094	2.26	62	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	5613	4122	5062	1676	2973	1611	6034	11968	7167	4154	8792	6746	11005	7878	16262	7897	5050	3659	5420
AT4G20910.1	CRT1b, AtCRT1b - calreticulin 1b	0.009615331	2.85	1233	15	11	Col-0 KR	Col-0 KR	4789532	4862609	3939482	3944918	3869050	3673695	12229255	13693925	13975520	5613285	3141562	5227656	3820864	1849384	2183101	4302713	4957383	2021414	1847924
AT3G20050.1	ATTCP-1, TCP-1 - T-complex protein 1 alpha subunit	0.009665074	3.04	202	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	40897	42800	172278	184287	129910	160677	17115	21324	15640

Tabelle1

AT5G17880.1:ATSG	HIP, ATTDX, ATHP2, TDX · tetratricopeptide domain-containing thioredoxin	0.012760735	2.44	254	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	960654	1021992	744436	731704	963836	979165	1242529	2262252	2528738	994901	654785	1072138	520253	317540	303405	736274	1057184	436900	402438
AT3G63410.1	APG1, VTE3, IEP37, E37 · S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.012882975	1.97	43	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	1479	2347	9579	1623	1116	2211	6470	1091	1966	4880	13046	14815	9052	14947	4927	13433	5108	16608	17897
AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/YVTN repeat-like protein	0.012950697	2.30	121	2	2	Col-0 KR	Col-0 KR	34781	33733	37191	35312	22759	22700	12010	9494	8835	16355	18056	26714	34625	58880	46590	20765	15762	60320	46114
AT5G39830.1	DEGP8, DEG8 · Trypsin family protein with PDZ domain	0.012980868	2.60	42	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	60559	58489	49253	59397	92363	81280	5097	4330	12755	46012	45637	35881	30619	24996	58161	18890	38996	45930	32574
AT1G17220.1	FUG1 · Translation initiation factor 2, small GTP-binding protein	0.013301002	2.10	97	2	2	Col-0 KR	Col-0 KR	26845	22071	53447	54276	36963	26977	25575	15046	15495	29336	33805	38706	49354	76198	76189	46927	29595	83268	60114
AT4G23860.1	SRZ-21, SRZ21, RSZP21, RSZ21, At-RSZ21 · RS-containing zinc finger protein 21	0.013407353	4.72	45	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	5621	1886	1631	323	6252	6961	39422	17309	39610	10173	3864	9768	4678	2295	5215	5105	3473	2234	5459
AT1G75990.1:ATG	PAM domain (PCI/PINT associated module) protein	0.013469241	2.54	49	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	1246	2354	20296	22279	15685	13572	36769	31246	38495	27318	32081	29302	28055	9396	8384	29775	16215	11843	12070
AT3G05590.1	RPL18 · ribosomal protein L18	0.013475853	2.67	58	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	1393	2972	18612	16035	15633	16015	37218	53086	46076	19189	34953	12310	17436	21133	22801	30263	34844	29709	21616
AT1G55530.1	RING/U-box superfamily protein	0.013525133	54.96	48	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	529	246	370	87	0	194	23411	18656	30158	3696	4521	3479	7520	0	1365	4212	8797	1979	129
ATCG00500.1	ACCD · acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit beta	0.013543677	2.12	356	7	7	Col-0 KR	mpk6 DD	103162	115208	234734	315265	222419	231555	219266	174913	146142	413439	379089	417994	611133	483896	446995	349994	347891	460270	498722
AT4G10840.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.013549323	2.16	87	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	70281	68723	33904	33726	23405	26745	17817	13799	25568	51449	28509	34366	24684	18133	23045	20553	28054	15005	14190
AT3G08960.1	ARM repeat superfamily protein	0.013708244	18.58	75	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2250	5330	4932	4285	2371	2007	30	299	3	919	698	1135	2216	298	377	52	0	149	263
AT1G29220.1	transcriptional regulator family protein	0.013810723	3.05	222	2	2	Col-0 OD	Col-0 KR	35727	36758	53987	58992	54100	43494	218227	178070	138155	43242	37051	46395	61278	23672	25070	41830	55145	31049	26374
AT4G15260.1	PXD1 · 20S proteasome alpha subunit PAD1	0.013844558	2.10	52	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	15369	15897	28238	28021	28971	30491	22513	18996	17563	29219	44388	45971	34468	53621	69161	51878	21678	63789	67407
AT5G15200.1:ATSG	Ribosomal protein S4	0.013941093	2.31	160	3	3	Col-0 KR	mpk6 DD	39016	48387	144818	182076	110139	78499	129185	59782	44546	150092	143611	148075	241942	249163	234655	250712	158755	306719	195167
AT4G25800.1:ATG	PDF1, PR 65, PP2AA2 · protein phosphatase 2A subunit A2	0.014137306	2.27	109	2	1	mpk6 DD	Col-0 DD	44923	37628	74968	69328	84295	71132	12639	8912	8032	46843	48820	43647	27268	53362	47101	22619	30917	37375	40272
AT5G03840.1	SMAD/FHA domain-containing protein	0.014221024	3.03	161	2	2	Col-0 KR	Col-0 KR	122410	158484	136680	138577	158697	201026	694224	541369	595945	140814	153133	136522	203530	64076	91647	178320	199454	75606	88895
AT1G67580.1	Protein kinase superfamily protein	0.014263614	Infinity	80	1	1	Col-0 OD	mpk6 DD	0	0	0	0	7	0	0	1918	2695	1987	0	212	0	0	0	0	0	0	0	0
AT3G58730.1	vacuolar ATP synthase subunit D (VATD) / V-ATPase D subunit / vacuolar proton pump D subunit (VATPD)	0.014265057	2.03	231	3	3	mpk6 DD	Col-0 DD	412657	364138	651635	618312	635595	682454	83103	99478	97040	513500	439272	352022	345801	801221	417076	397930	295846	661973	582388
AT4G25450.1:ATAG	ATNAP8, NAP8 · non-intrinsic ABC protein 8	0.014424773	2.14	83	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	10160	9076	23778	30362	7271	14399	17709	16309	9922	14768	31025	27906	27647	29336	49357	24123	21618	44113	34560
AT2G28760.1:ATSG	unknown protein	0.014452207	2.76	45	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	3912	608	4780	3179	4954	4842	367	1245	587	277	3820	1364	1847	2583	1926	4620	3317	3683	3033
AT3G07710.1:ATG	Ribosomal protein S13/S15	0.01454244	2.30	51	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	8476	10492	14055	10922	12699	11254	22360	38980	39114	34330	24936	11095	11216	12352	12666	19866	29156	14604	14017
AT5G42650.1	AOS, CYP74A, DDE2 · allene oxide synthase	0.014579309	3.13	62	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	8092	12753	10415	4180	2405	5398	3826	6571	5609	1895	1742	5775	7006	26314	25040	10284	10437	15699	4643
AT4G22670.1	AtHip1, HIP1, TPR11 · HSP70-interacting protein 1	0.014599006	2.93	2129	24	24	Col-0 OD	mpk6 DD	24013293	19541754	22198750	21195910	28922449	26461466	11811378	12637283	11828788	39719222	23031527	36244003	29158919	18720171	23017661	40997935	45981174	23818085	15974023
AT1G78510.1	SPS1 · solanesyl diphosphate synthase 1	0.014717222	3.12	102	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	1889	2452	10113	11542	3746	3859	1723	1431	870	5253	7433	13165	18634	18845	23586	17714	11066	17035	16717
AT3G60240.3:ATG	EIF4G, CUM2 · eukaryotic translation initiation factor 4G	0.014761045	3.00	85	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	1469	1418	4291	4758	9625	11074	12885	10788	13941	12444	8470	8845	15200	6505	6200	16818	14634	44801	9016
AT5G66420.2:ATSG	unknown protein	0.014874574	2.07	85	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	68886	62767	124830	154300	77827	98606	32298	17166	14880	58184	43423	39955	86381	86344	60529	82203	51511	101904	78838
AT1G01960.1	EDA10 · SEC7-like guanine nucleotide exchange family protein	0.014990941	2.50	91	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	65083	63187	69450	75756	51182	65378	8029	6355	3867	25785	48115	33330	56781	42105	38225	21384	15768	59008	32657
AT1G68720.1	TADA, ATTADA · tRNA arginine adenosine deaminase	0.015134956	19.32	69	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	516	523	0	0	0	0	10200	10608	212	1719	388	81	187	0	361	670	1082	11	0
AT5G51820.1	PQN4, ATPQN4P, ATPQN4, STF1 · phosphoglucomutase	0.015178492	3.12	43	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	3623	3098	5104	4850	4273	4671	980	1085	1020	1102	1239	1729	430	3071	2771	4564	3689	326	6118
AT1G74960.1	FAB1, KAS2, ATKAS2 · fatty acid biosynthesis 1	0.015264837	2.49	54	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	20404	21582	28280	27351	25811	21959	2479	2492	2628	10112	18722	12017	19618	18859	11701	12201	4454	23137	18307
AT3G60820.1	PBF1 · N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein	0.015268159	2.96	54	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	4514	5668	6320	3940	6451	10330	5199	5437	8366	1919	5003	15739	22299	9640	22865	16705	9452	28906	22717
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	0.01527327	2.35	55	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	56108	46636	15236	19430	25380	31884	19240	26809	18818	66738	38569	44822	29754	120935	80255	13462	55917	60766	56250
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	0.015329848	2.38	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	287054	320726	276605	350504	418522	486629	446513	255673	285227	82247	67601	127835	130388	63118	101814	227081	276874	119257	112079
AT4G38130.1	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 · histone deacetylase 1	0.015425014	16.70	68	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	877	1610	20014	19515	16490	16048	408085	546766	381283	16743	26737	29223	43553	10583	13918	78131	104013	5981	15283
AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein	0.015500906	2.10	160	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	20785	16826	37623	45470	38849	39886	6007	3663	2527	20407	26506	20387	26663	41949	32186	30107	20537	32329	28015
AT5G17510.1	unknown protein	0.015545263	2.26	82	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	171790	130233	181461	298507	150577	239045	202848	211953	176391	124379	61959	81858	70917	52803	54658	102233	113099	147091	75764
AT3G61260.1	Remorin family protein	0.015587591	2.26	170	3	2	mpk6 DD	Col-0 KR	42893	49646	137766	124649	154529	153868	49218	55536	54939	53720	59652	36242	33567	99148	101626	45055	67958	135205	94025
AT5G47390.1	myb-like transcription factor family protein	0.015593939	2.26	79	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	93100	85742	64974	63379	108749	82822	48226	19513	110390	65350	30809	46180	23170	22497	48431	41423	72368	20388	15863
AT4G27610.1	ENTH/VHS/GAT family protein	0.015731205	2.13	125	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	6438	6375	10396	9574	16726	17807	9399	10520	12550	18628	33066	29272	32805	28381	19182	24000	15490	28116	27952
AT4G15820.1	HSBP, AtHSBP · heat shock factor binding protein	0.015749113	2.35	173	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	188716	159087	254507	287022	322557	285721	795346	968193	1039532	297588	296878	383080	273867	183205	149335	431468	382705	191868	190190
AT2G16870.1	XTH32 · xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	0.015918863	5.90	41	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	5875	7525	7370	3408	1854	2987	647	3050	2458	13470	23519	31159	14030	31370	42300	17965	27837	27658	22194
AT1G25310.1:ATG	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	0.016044005	2.32	142	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	35157	53729	54047	43903	99163	93201	37685	36981	46971	192355	108518	66135	117909	168879	144546	104798	109354	228095	122485
AT3G03710.1	RIF10, PNP · polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	0.016050616	2.96	54	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	4514	5668	6320	3940	6451	10330	5199	5437	8366	1919	5003	15739	22299	9640	22865	16705	9452	28906	22717
AT1G57720.1	Translation elongation factor EF1B, gamma chain	0.01527327	2.35	55	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	56108	46636	15236	19430	25380	31884	19240	26809	18818	66738	38569	44822	29754	120935	80255	13462	55917	60766	56250
AT4G34730.1	ribosome-binding factor A family protein	0.015329848	2.38	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	287054	320726	276605	350504	418522	486629	446513	255673	285227	82247	67601	127835	130388	63118	101814	227081	276874	119257	112079
AT4G38130.1	HD1, ATHD1, HDA1, RPD3A, HDA19, ATHDA19 · histone deacetylase 1	0.015425014	16.70	68	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	877	1610	20014	19515	16490	16048	408085	546766	381283	16743	26737	29223	43553	10583	13918	78131	104013	5981	15283
AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein	0.015500906	2.10	160	2	2	mpk6 DD	Col-0 DD	20785	16826	37623	45470	38849	39886	6007	3663	2527	20407	26506	20387	26663	41949	32186	30107	20537	32329	28015
AT5G17510.1	unknown protein	0.015545263	2.26	82	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	171790	130233	181461	298507	150577	239045	202848	211953	176391	124379	61959	81858	70917	52803	54658	102233	113099	147091	75764
AT3G61260.1	Remorin family protein	0.015587591	2.26	170	3	2	mpk6 DD	Col-0 KR	42893	49646	137766	124649	154529	153868	49218	55536	54939	53720	59652	36242	33567	99148	101626	45055	67958	135205	94025
AT5G47390.1	myb-like transcription factor family protein	0.015593939	2.26	79	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	93100	85742	64974	63379	108749	82822	48226	19513	110390	65350	30809	46180	23170	22497	48431	41423	72368	20388	15863
AT4G27610.1	ENTH/VHS/GAT family protein	0.015731205	2.13	125	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	6438	6375	10396	9574	16726	17807	9399	10520	12550	18628	33066	29272	32805	28381	19182	24000	15490	28116	27952
AT4G15820.1	HSBP, AtHSBP · heat shock factor binding protein	0.015749113	2.35	173	3	3	Col-0 DD	Col-0 KR	188716	159087	254507	287022	322557	285721	795346	968193	1039532	297588	296878	383080	273867	183205	149335	431468	382705	191868	190190
AT2G16870.1	XTH32 · xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 32	0.015918863	5.90	41	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	5875	7525	7370	3408	1854	2987	647	3050	2458	13470	23519	31159	14030	31370	42300	17965	27837	27658	22194
AT1G25310.1:ATG	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	0.016044005	2.32	142	2	2	Col-0 DD	Col-0 KR	35157	53729	54047	43903	99163	93201	37685	36981	46971	192355	108518	66135	117909	168879	144546	104798	109354	228095	122485
AT3G03710.1	RIF10, PNP · polyribonucleotide nucleotidyltransferase, putative	0.016050616	2.96	54	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	4514	5668	6320	3940	6451	10330	5199	5437	8366	1919	5003	15739	22299	9640	22865	16705	9452	28906	22717
AT3G15960.1	Single hybrid motif superfamily protein	0.016095085	2.35	67	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	34349	29165	39654	68427	48806	63003	19936	21919	22147	22978	30460	29168	61773	79534	19699	83102	53879	91437	92950
AT1G62030.3	MCC4 · mitomycin C-like 4	0.016102805	2.25	71	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	77427	71916	92861	100365	104804	122009	105674	80954	92415	206473	245104	208399	115446	160827	216930	168845	142617	260216	168732
AT5G51120.1:ATSG	PABN1, ATPABN1 · polyadenylate-binding protein 1	0.016239987	2.47	101	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	146181	346042	139673	149551	1154522	1279586	2265013	1906855	1781727	2128381	713066	1092050	974610	357078	320086	1034544	1232995	674618	644287
AT1G33050.1	unknown protein	0.016448099	2.77	44	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	71880	66002	34051	32848	33626	34290	1528	11297	8574	32917	21642	27859	11137	30211	17530	11159	28868	10019	10433
AT1G25490.1	RCN1, REGA, ATBETA BETA BETA, EER1 · ARM repeat superfamily protein	0.016524779	2.69	99	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	4089	3400	15695	21218	5718	5067	8925	11864	19277	38869	44805	45415	34835	15830	35812	21769	16840	12744	14363
AT4G15790.1	unknown protein	0.016588835	17.84	88	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	1758	545	221	0	0	316	11969	20004	13552	3888	2137	2441	5135	0	395	2223	2105	184	508
AT5G44520.1	Nag8/Rpia/CoA transferase-like superfamily protein	0.016669708	9.52	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	2697	3971	7594	1252	15403	23823	801	2875	1355	2797	2525	139	975	3753	0	1200	166	15	618
AT5G67510.1:ATSG	VDAC2, ATVDAC2 · voltage-dependent anion channel 2	0.016712552	8.00	64	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	75	139	813	704	806	328	14	0	0	5031	1038	771	0	2804	5145	6037	3072	436	5425
AT4G26401.1	EIF4B1 · eukaryotic translation initiation factor 4B1	0.016842685	4.23	79	1	1	Col-0 KR	Col-0 KR	8624	6342	9194	5003	26280	25774	66163	103361	103978	20684	14684	16837	15109	7230	5705	22442	24452	4898	4272
AT5G02050.1	Mitochondrial glycoprotein family protein	0.016848635	5.45	52	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	7391	8989	14906	13882	3066	10370	73998	135987	95000	15708	15133	16908	19931	7202	13908	22136	41684	4792	16315
AT1G13320.1	PP2AA3 · protein phosphatase 2A subunit A3	0.016979421	3.45	91	2	1	mpk6 DD	Col-0 KR	8692	8649	44144	50198	31055	47610	3989	3028	2344	4504	11855	17437	21304	16501	10245	10400	7798	8937	14451
AT1G73590.1	NTO1, SAM53, RA74 · S-adenosylmethionine synthetase family protein	0.01709767	2.09	92	1	1	Col-0 KR	Col-0 KR	126884	154624	125145	126260	169021	173521	44093	22029	65746	177046	109977	105356	84726	40502	82139	76383	61125	85225	73906
AT4G24550.2	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	0.017216558	6.36	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 DD	2329	5999	0	768	189	4207	6071	7413	7709	11317	16294	27992	23265	1164	17564	15336	14668	18251	14603
AT5G04430.1	BTR1, BTR1S · binding to TOMV RNA 1L (long form)	0.01722059	2.40	42	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	9128	9425	25170	20562	24481	28745	8590	16094	13374	4825	7234	5639	2607	5739	5493	12947	15369	3853	5536
AT1G23380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	0.017258847	6.38	319	5	5	mpk6 DD	Col-0 KR	372216	409025	426922	549671	679884	683382	446662	987953	935715	23999	30074	29646	46242	34141	32157	140068	210237	54595	18379
AT5G13650.1	elongation factor family protein	0.017261047	2.54	59	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	3535	5507	8551	20487	12486	8319	6703	2383	1356	4597	5502	8896	12976	22621	10382	19372	10100	16200	13498
AT1G50620.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	0.017365007	5.53	60	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	2195	4574	943	4647	6184	6993	50262	42209	27746	5780	4666	8515	25604	8988	4504	19354	26887	6311	3640
AT5G28640.1:ATG	DNA-binding storekeeper protein-related transcriptional regulator	0.017620417	2.54	45	1	1	Col-0 KR	Col-0 KR	33670	35399	27632	26806	29670	30435	112626	136756	117972	42638	32598	34129	52528	25353	24735	50386	45502	6720	25886
AT3G19240.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	0.01763398	4.63	45	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	8485	11913	33268	40740	21331	24497	256803	184553	166125	34602	23285	32686	59026	19390	16512	53790	63311	13959	15362
AT1G76180.1	ERD14 · Dehydrin family protein	0.017695078	3.25	470	7	6	Col-0 DD	mpk6 DD	2653777	2812656	6208511	6392090	6590928	6846695	29683182	29223588	31156481	7845343	6819704	7205593	7494145	5095402	5477733	10969795	12699563	5501795	5512316
AT4G57170.2:ATG	ENC4 · little nucleoli4	0.017760065	2.61	50	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	7808	6857	18339	18505	20976	18309	56263	63499	57311	25931	17676	21592	34446	18105	20217	35568	34842	7377	17538
AT3G60340.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	0.01784369	3.02	70	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	2129	2132	17335	20123	4687	2866	7594	3457	3748	12007	15737	28718	36250	27257	18929	28142	18282	34260	21915
AT3G57150.1	NAP57, AtNAP57, CBF5, AtCBF5 · homologue of NAP57	0.018029988	2.63	144	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	11548	11053	25319	30392	26306	24522	71560	89200	50846	64391	22932	54353	43444	35320	16737	101702	46314	15256	47940
AT2G29690.1	ASA2, ATHANSYNA8 · anthranilate synthase 2	0.018332089	2.21	43	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	29863	27172	63957	87393	87518	72921	9468	21346	21826	44672	40656	34202	22664	28063	34674	20668	28429	38300	36172
AT5G19760.1	Mitochondrial substrate carrier family protein	0.018366644	4.02	137	2	2	Col-0 DD	mpk6 DD	4610	4278	13186	14061	5924	8599	5859	2512	5112	29468	35746	37563	31346	21352	54523	23927	25739	37905	40096
AT5G22640.2:ATSG	emb1211 · MORN (Membrane Occupation and Recognition Nexus) repeat-containing protein	0.018403207	5.33	232	4	4	Col-0 KR	mpk6 DD	119407	113312	76529	64610	46544	57192	841162	842520	781910	115483	87095	152835	148742	91072	63825	249517	254464	78335	75938
AT2G27680.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	0.018615408	2.29	93	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	222345	141404	63479	107935	223550	140570	50896	29076	26380	33644	122107	76653	119611	93296	71266	91100	61670	152240	157899
AT1G12920.1	ERF1-2 · eukaryotic release factor 1-2	0.018621649	2.80	40	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	9405	8292	16532	16865	15374	17413	14501	36476	29418	4296	9385	13179	7759	1154	3657	10740	12359	3646	3631
AT1G20450.1	LTI29, LTI45, ERD10 · Dehydrin family protein	0.018743804	3.76	526	9	9	Col-0 DD	mpk6 DD	852872	876525	2473508	2617986	2913346	2803671	13750600	14738056	13683945	4655826	2094573	3528708	2502600	1466471	1780464	4199918	5369977	1323520	1390275
AT4G13940.1	Vacuolar import/degradation, Vid27-related protein	0.018924325	2.40	44	1	1	Col-0 DD	Col-0 KR	3916	5533	6587	8400	6121	2418	40599	26481	26142	5741	5519	6371	9928	4279	7619	5972	6623	1979	4021
AT1G80070.1:ATG	SUS2, EMB33, EMB177, EMB14 · Pre-mRNA-processing-splicing factor	0.018926013	2.46	47	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	3795	3596	12616	21378	10312	8997	11175	3431	7989	19013	15118	17043	16960	12487	26996	27703	22702	20046	30461	21321
AT5G60640.1:ATSG	ATPDIL1-4, PDI2, ATPDI2, PDIL1-4 · PDI-like 1-4	0.018951749	2.21	273	5	5	Col-0 DD	Col-0 KR	1291410	1100127	1172892	1250002	1279150	1325713	2340463	3179593	1984106	1826959	955450	1378952	825830	786681	690955	1275860	1455269	637445	587953
AT1G79040.1	PSBR · photosystem II subunit R	0.019316076	2.75	88	1	1	Col-0 KR	mpk6 DD	17935	24435	88517	89182	123463	115479	101774	48007	68754	200502	141261	236321	198861	113421	201013	249251	378432	164059	157340
AT1G27400.1	Ribosomal protein L10/L17e family protein	0.019339403	7.73	62	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	295	11711	9132	5648	0	6863	36914	46431	26513	83059	27576	59408	23561	10526	17976	48591	59633	19657	13689
AT1G17720.1	ATB BETA · Protein phosphatase 2A, regulatory subunit PR55	0.019404828	2.11	52	1	1	mpk6 DD	Col-0 KR	10009	9595	39658	47573	22358	19320	49208	21700	21612	31773	44968	46875	87556	42655	39903	72377	42585	66289	50291
AT1G07480.1:ATG	Transcription factor IIA, alpha/beta subunit	0.019510337	3.71	65	1	1	Col-0 DD	mpk6 DD	56845	63272	124426	112914	154660	141179	617024	688528	891441	168999	129605

AT3G23900.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0.034964383	3.87	142	2	2	1	Col-0 OD	mpk6 OD	64192	66420	41220	53415	61222	66880	407485	454915	427379	75153	69113	83548	85677	39934	19879	131202	169830	38621	28090	
AT4G02940.1	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	0.025002014	20.30	49	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	5850	5247	211	0	0	0	4453	7281	6347	1930	1608	2164	1888	0	92	24	330	501	138	
AT1G50480.1	THFS - 10-formyltetrahydrofolate synthetase	0.025072456	22.26	78	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	0	0	119	241	0	520	892	1377	1304	122	222	59	216	754	40	248	781	17651	106	
AT2G07080.1	RPL14 - ribosomal protein L14	0.025316742	9.58	96	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	0	1852	1587	2064	1777	2887	15238	8213	5111	6821	4469	2749	3068	10943	19758	5472	11078	31396	18725	
AT1G04330.1	TRAF-like superfamily protein	0.025640734	7.55	49	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	992	487	1825	0	834	0	12374	6693	9252	1327	350	3113	3562	689	3153	3516	2155	8839	3472	
AT2G44200.1	CBF1-interacting co-repressor CIR, N-terminal;Pre-mRNA splicing factor	0.025759494	8.20	65	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	642	222	5798	312	8245	6734	57248	39349	41062	4203	4912	3903	4795	1159	1204	6848	6613	343	75	
AT1G03860.1	ATPHB2, PHB2 - prohibitin 2	0.025853677	3.27	70	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	6110	7069	23436	32852	9718	7480	11286	3653	5536	34338	37496	28390	52002	62007	50494	30634	22265	66767	50974	
AT1G07110.1;ATSG	F2KP, ATF2KP, FKFBP - fructose-2,6-bisphosphatase	0.026122562	1.49	252	4	4	4	Col-0 KR	mpk6 OD	152504	155795	150683	109279	149708	149484	824604	890156	761115	163750	113994	139006	168836	118645	116671	124352	122344	132786	116421	
AT2G17240.1	unknown protein	0.026364024	2.82	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	132750	148727	204796	186575	213891	187165	667792	928652	900049	333177	252418	322497	131050	135714	184138	316731	466024	184063	155285	
AT3G61430.1;ATG	PIP1A, ATPIP1, PIP1, PIP1;1 - plasma membrane intrinsic protein 1A	0.026549536	2.47	57	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	5464	5098	21997	23115	14794	13777	10975	10940	7056	38580	20724	21487	7984	17183	25032	37051	22471	64863	41305	
AT1G49520.1;ATSG	ACT12 - actin-12	0.026607351	2.80	710	10	10	1	Col-0 KR	mpk6 OD	17477	14867	14008	28324	13404	13004	26723	7242	6974	17036	15377	54525	68903	47201	34969	41413	27678	82956	48500	
AT1G79280.2	NUA - nuclear pore anchor	0.026946689	41.40	819	12	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	60	0	4009	1303	2907	1435	113954	174309	152331	6804	5469	2472	13851	112	1736	31476	29318	1572	109	
AT1G73600.1;ATG	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	0.026974038	7.53	82	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1050	1062	2544	40	588	126	1344	2592	21	2504	4751	3117	1814	6308	1526	9801	6975	5674	10457	
AT1G14900.1	unknown protein	0.027007374	22.00	82	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	3823	3623	2176	288	0	1363	54118	99130	109301	5880	3590	3708	13606	1917	1374	5935	15540	1358	522	
AT1G17130.1;ATG	Family of unknown function (DUF572)	0.027028521	8.03	47	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	477	3862	10968	3437	5526	5594	94491	74537	75979	6690	11348	9373	7360	564	1296	17318	18208	7534	1354	
AT3G18890.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	0.027254695	102.84	63	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	398	143	14802	14613	15706	15437	573	1416	106	0	0	0	9668	123	0	0	86	115	271	
AT4G17910.2;ATG	AK-HSDH II, AK-HSDH - aspartate kinase-homoserine dehydrogenase ii	0.027257323	2.33	262	3	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	3219	9369	4967	7458	5321	4563	3934	6839	5182	16081	14191	21867	25953	15604	15909	10562	7565	15843	15728	
AT1G65260.1	PTAC4, VIPP1 - plastid transcriptionally active 4	0.027314555	3.08	151	2	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	28387	27220	156044	171923	197602	85852	45618	48463	29274	43817	45635	30114	21197	33521	54095	28263	32186	17371	51307	
AT5G24490.1	30S ribosomal protein, putative	0.028575804	2.20	247	3	3	3	Col-0 OD	Col-0 KR	1813272	2384315	1978470	2805236	2511501	2381076	4453898	3978475	4067377	700015	1491286	1951801	1704340	826317	1128089	2137511	1097737	984954	967935	
AT3G12580.1	HSP70, ATHSP70 - heat shock protein 70	0.028613954	6.86	488	7	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1319	0	3188	6478	1360	4204	32516	21412	6698	12392	7375	6272	5886	37022	15071	18175	9722	22680	10918	
AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein	0.028628829	48.68	53	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	14160	7212	3654	3218	0	1121	0	704	0	0	0	0	7759	0	0	0	13156	0		
AT5G49760.1;ATG	Leucine-rich repeat protein kinase family protein	0.028630419	2.62	48	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1055	1424	1515	2643	643	1079	2328	1098	963	2470	2186	6749	5878	2096	1936	3668	4052	5969	4154	
AT5G58410.1	HEAT/U-box domain-containing protein	0.028648287	3.50	67	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	2805	2422	7586	13512	2895	9150	1810	1157	665	2504	6245	1224	3184	2479	315	2278	1869	2374	1640	
AT1G45900.1	Ribonuclease P protein subunit P38-related	0.028663629	13.77	83	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	2723	1392	7409	7561	5637	5208	816	1863	2793	3	1	443	0	85	257	0	0	144		
AT4G03080.1	BSL1 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 1	0.028786077	18.26	211	4	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	775122	821952	128697	137212	375523	237467	0	9757	13943	8838	56332	31227	38108	111387	154592	17653	22041	92838	102725	
AT1G04860.1	UBP2, ATUBP2 - ubiquitin-specific protease 2	0.029006396	5.45	50	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	1521	818	3703	15469	5521	14878	92475	58645	41412	4905	7344	14141	21988	2020	311	10536	15058	7747	2218	
AT4G21660.1;ATG	proline-rich spliceosome-associated (PSP) family protein	0.029257603	2.06	178	3	3	3	mpk6 OD	Col-0 KR	244082	215515	262372	296031	319475	308124	771508	798469	1038664	449371	330508	347751	218467	234998	193760	363551	533633	231471	194748	
AT1G08720.1	EDR1, ATEDR1 - protein kinase superfamily protein	0.029291473	15.66	54	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	5788	5823	12573	16244	26037	11009	0	402	0	2322	1360	1663	27	8004	2817	0	1367	1772	622	
AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein	0.029565055	3.21	66	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	115	54	7958	11313	3118	7356	14950	12641	18851	13296	22853	20894	8503	2224	10978	15134	23563	3635	8598	
AT4G08680.2;ATG	unknown protein	0.02982641	3.13	128	2	2	2	Col-0 OD	Col-0 KR	15007	23163	11458	16447	15466	23889	61023	30416	40170	8832	10874	4685	11405	2448	5929	10689	16198	4903	5747	
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0.029989814	2.25	1264	20	19	19	mpk6 OD	Col-0 KR	2746857	2861583	2857578	3116310	3443662	3949008	5224908	5543599	4880950	1073350	1165248	1412771	1549841	1010468	1222945	1884663	2069813	1015569	1228047	
AT5G24690.1	Protein of unknown function (DUF3411)	0.029994707	2.08	175	3	3	3	Col-0 OD	Col-0 KR	324462	312998	425290	507008	283695	304471	574278	797917	653263	226059	175333	275510	295453	169934	170798	220462	342714	170772	158817	
AT5G61210.1	SNAP33, ATSNAP33, SNP33, ATSNAP33B - soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor adaptor protein 33	0.030252799	1.61	46	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	5046	5995	1220	1292	2719	3071	22165	16096	9967	4473	3039	3250	3523	1972	583	4573	3104	2714	1885	
AT1G17360.1	unknown protein	0.030279668	279.10	65	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	0	207	0	0	0	23891	22000	21104	81	0	0	175	1692	0	0	5889	4160	1010	766	
AT5G04900.1	NOL - NYC1-like	0.030680259	2.65	43	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	11163	10404	4811	6804	3811	6671	3524	7399	4634	16843	12437	11997	16325	11416	20261	7348	16445	38882	21204	
AT4G05180.1	PSB2, PSB6-2, PSII-Q - photosystem II subunit Q-2	0.030726304	19.52	41	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	4441	4343	900	1522	2445	761	9	31	23	261	189	11	337	3449	2674	20	1	1	1043	
AT4G10570.1	UBP9 - ubiquitin-specific protease 9	0.031092829	3.36	76	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	1722	3074	10109	12945	3651	2001	2049	1880	1924	849	727	1459	2812	4480	2164	2644	1419	3685	1457	
AT2G31810.1	ACT domain-containing small subunit of acetolactate synthase protein	0.031114269	2.45	102	2	2	2	Col-0 OD	mpk6 OD	31727	70418	91818	98339	104361	119885	41304	71654	73706	266873	206311	161337	172060	257183	204247	115876	167660	343418	175331	
AT4G26780.1	AR192 - Co-chaperone Grpf family protein	0.031168255	2.46	206	4	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	190905	196354	167056	178412	147744	172106	338042	451520	363852	115030	86623	95729	89518	62280	68445	137742	143871	68018	63630	
AT2G20280.1	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type family protein	0.031374076	3.78	46	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	40363	51547	34347	37778	34494	32937	108950	108021	95903	22843	18699	19347	32873	10574	18094	22620	27880	355	12754	
AT2G18020.1;ATG	EMB2296 - Ribosomal protein L2 family	0.031451161	7.68	46	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	1024	1599	871	0	3694	1174	6305	23802	17959	8269	5888	10108	2587	1087	3803	5548	11953	6018	2110	
AT3G47810.1	MAQ1, VPS29, ATVPS29 - Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein	0.031825899	2.13	63	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	6448	6569	15989	22648	13373	23488	35128	47972	37818	22248	17523	12389	46867	19808	28401	16449	32736	16093	29929	
AT1G16830.1	TPR2 - TOPLESS-related 2	0.031910008	2.06	130	2	2	2	Col-0 OD	mpk6 OD	5583	12702	20894	4620	12616	18931	21048	9504	8907	51723	27789	31604	26380	28391	24429	21716	30835	23155	23892	
AT5G14060.1	CARAB-AK-LYS - Aspartate kinase family protein	0.031932256	2.91	44	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	5330	7282	8821	12144	13520	14655	372	180	72	4508	5625	4849	9115	11175	4970	2326	2040	11384	10711	
AT5G23880.1	EMB1265, CPSF100, ESP5, ATCPSF100 - cleavage and polyadenylation specificity factor 100	0.032009607	2.07	53	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 OD	23495	19885	26198	26458	34191	22926	13491	9069	4183	11671	34705	39072	26511	50010	36556	35847	17462	57516	48486	
AT4G01080.2	Protein of unknown function (DUF2296)	0.032652922	5.68	55	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	0	1396	1552	1057	1845	1025	6707	4532	4765	1101	1710	6674	1099	1709	2885	5508	5124	688	
AT5G52310.1;ATG	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - low-temperature-responsive protein 78 /LTI78) / desiccation-responsive prote	0.032667989	2.19	2941	31	31	31	Col-0 OD	Col-0 KR	40407369	38868688	23665317	26158002	44956797	44733369	80355974	87904764	86045378	34458214	25687939	30691671	29485058	13510015	18550568	35267678	42604122	19835801	16922737	
AT4G00800.1	transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0.032862753	3.88	122	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	30558	27748	36293	13849	38519	27091	159594	130886	160701	17919	28544	30295	27141	10699	11544	30066	42848	17092	10311	
AT4G11100.1	sequence-specific DNA binding transcription factors	0.032961541	1.34	71	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	2012	6712	16483	9377	17225	15915	92974	81726	68123	28581	14387	18163	30276	21075	20585	10544	30440	136995	15737	
AT3G12800.1	SDR8, DECR - short-chain dehydrogenase-reductase B	0.033079451	2.47	42	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	9148	15459	12590	16700	13732	33173	5460	16784	4854	32505	17142	9715	7436	10686	5107	3151	4803	13862	3203	
AT1G20696.1	HMGB3, NFD3 - NFD03 - high mobility group B3	0.033204537	32.79	44	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	443	675	1076	392	1299	565	21636	7779	506	2457	0	702	1230	0	376	429	0	0	92	
AT5G58290.1	RPT3 - regulatory particle triple-A ATPase 3	0.033219901	2.11	253	4	4	4	mpk6 OD	Col-0 KR	516372	558081	332274	361768	373084	368081	66257	77528	63500	184452	395124	318032	283527	340712	483026	140958	128345	592431	420547	
AT5G24770.1;ATG	ATVSP2 - vegetative storage protein 2	0.033318951	5.80	42	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	2932	3616	3330	1467	541	418	2035	1970	235	18495	9150	16315	12326	6484	17134	11468	4238	13072	18985	
AT1G21600.1	PTAC6 - plastid transcriptionally active 6	0.033433858	2.15	66	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	62594	101175	192234	172476	175476	219145	381576	538356	488426	293327	161345	270411	184070	85043	51996	293275	331938	137717	122632	
AT1G73460.1	Protein kinase superfamily protein	0.033491529	2.12	196	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 OD	220382	254018	134359	146221	110945	93521	321085	211263	278531	78087	81584	106504	116501	91201	44359	134576	71575	78967	61855	
AT3G01060.1	PSAC - iron-sulfur cluster binding;electron carriers;4 iron, 4 sulfur cluster binding	0.033690387	2.08	50	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	10207	20919	9697	3100	15006	2772	16971	45479	28955	12733	20174	10796	10393	23249	20709	12557	35637	21056	14899	
AT4G28310.1	Protein of unknown function (DUF1421)	0.033720971	14.28	53	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	0	1	312	183	14	215	3494	3862	2313	1004	543	653	208	523	1008	2381	2065	0	1462	
AT1G60680.1	MogI/PsbP/DUF1795-like photosystem II reaction center PsbP family protein	0.033822595	2.97	47	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	8778	4285	1535	6995	11916	6646	1590	5368	3643	4124	10580	5496	16098	19981	19148	6968	5567	18840	28624	
AT4G02510.1	TOC159, TOC86, PPI2, TOC160, ATTOC159 - translocon at the outer envelope membrane of chloroplasts 159	0.033979796	3.07	1664	18	17	17	Col-0 OD	Col-0 KR	9292359	9867423	10219749	10653843	11823990	14844287	37364077	42846051	42411367	10659405	7411458	10128288	7983467	5446671	4955720	11688479	12991622	5196202	4553866	
AT5G28850.1;ATSG	Calcium-binding EF-hand family protein	0.034045348	3.34	92	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	3852	4331	21608	9056	3431	1975	3295	1204	2055	5457	3433	31737	53447	22155	20677	23471	14935	40327	26353	
AT1G07770.1;ATG	RPS15A - ribosomal protein S15A	0.0341336	2.17	44	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	68963	64601	67015	47072	44188	62570	124466	7098	6045	78695	53233	44831	15927	23189	17599	20456	20188	46711	35368	
AT1G22450.1	CCH3B, ATCCH3B2 - cytochrome C oxidase 6B	0.034607759	4.58	99	3	3	3	Col-0 OD	mpk6 OD	5028	5577	72412	57987	53656	78353	311340	427577	410989	92372	61648	71329	71330	26456	24877	206201	158385	33313	35507	
AT2G27030.1;ATG	CAM5, ACAM-2 - calmodulin 5	0.034601883	3.04	314	5	5	5	Col-0 KR	mpk6 OD	46036	41961	81843	83895	64716	58343	255113	333148	265601	60303	53726	78352	58726	49221	21049	93637	86831	32778	28370	
AT2G32680.1	AtRLP23, RLP23 - receptor like protein 23	0.035101657	3.52	70	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	6202	3308	2626	5737	8091	9994	29519	31950	33513	7545	6784	4286	5966	4397	3474	2477	7815	2376	8596	
AT5G19120.1	RANGAP2 - RAN GTPase activating protein 2	0.035172885	2.18	50	1	1	1	Col-0 KR	mpk6 OD	29480	31471	41586	59695	49782	46250	144746	86892	106872	41789	35636	51760	51653	29568	8961	59090	50629	28790	27725	
AT2G20190.1	ATCLASP, CLASP - CLIP-associated protein	0.035317282	2.89	85	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	12373	12487	28060	26541	26320	25030	84667	137837	114405	25921	28762	26719	22032	16716	20640	31647	46230	17433	11544	
AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protein	0.03537456	106.18	66	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	508	0	361	843	0	615	43120	129221	99768	2251	2512	4931	6529	0	0	0	25601	11681	1456	3566	
AT3G62530.1	ARM repeat superfamily protein	0.035758214	2.46	51	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	7135	7565	12464	12093	12891	14329	363	2298	3179	15288	5425	7799	2249	2667	5248	4426	6134	3285	5211	
AT5G43810.1	Aluminium induced protein with YGL and LRDR motifs	0.035880601	2.56	71	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	4304	3228	11100	12008	4060	2595	4546	1829	1437	9502	7200	13646	22464	14110	14107	18382	14167	22617	12139	
AT3G47390.2	PHS1 - cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	0.036481261	2.09	48	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	19692	58395	33902	39015	32877	35255	101951	95103	106668	54610	25888	75763	73576	11308	30627	66639	63324	34553	37205	
AT4G11850.1	PLDGAMMA1, ME54 - phospholipase D gamma 1	0.036784374	2.71	58	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	3267	3462	697	659	3102	2194	7816	3180	3395	10396	4983	11019	1592	3654	2511	5072	2415	5367	3415	
AT4G01120.1	ATSPS4F - Sucrose-phosphate synthase family protein	0.036803572	4.16	109	2	2	1	mpk6 OD	Col-0 KR	2691	2798	680	14844	5325	6784	1700	539	307	2528	781	1069	2370	2777	4955	2880	963	2834	1837	
AT1G17210.1	ATILP1, ILP1 - IAP-like protein 1	0.036889095	3.07	242	4	4	4	Col-0 OD	Col-0 KR	150445	147905	137399	143995	192914	209956	952072	917922	747083	139079	147972	284306	82656	113446	213553	296333	177234	93118	
AT5G43960.1;ATG	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	0.037553872	3.19	96	2	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	246068	259056	32788	53255	80239	69637	21200	30501	32037	16397	47840	29854	93543	42568	41343	40332	16540	79594	71409	
AT5G61780.1	Tudor2, ATTudor2, TSN2 - TUDOR-SN protein 2	0.037595137	17.93	94	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	103158	95555	107502	140022	107935	181979	161951	41307	107013	40623	0	41778	1045	7018	1843	6635	1626	12014	6014	
AT5G40450.1	unknown protein	0.038068191	2.13	4767	72	71	71	Col-0 OD	Col-0 KR	14533001	14646435	15481903	16427489	26219647	28505502	41988328	46896112	45732730	17622797	13597336	17139640	16040994	10455681	9798410	18171828	22188859	10229920	9119757	
AT4G39980.1	DHS1 - 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate 7-phosphate synthase 1	0.038418372	13.06	60	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	1725	1935	359	51	0	0	6272	3809	15235	16119	7861	12716	8305	13562	1317	6013	9324	11439		
AT5G47090.1	unknown protein	0.038867201	10.41	53	1	1	1	Col-0 OD	mpk6 OD	0	1821	2243	1214	3460	257	24878	34845	35278	2265	5417	3403	3325	1016	1745	3184	4025	2314	1916	
AT2G03150.1	emb5179 - ATP/GTP-binding protein family	0.038949619	2.42	299	2	2	2	Col-0 OD	mpk6 OD	33007	33969	64725	54766	42071	57805	199216	199092	166920	62523	42762	51034	95836	43499	48748	97062	95197	31718	48937	
AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C family protein	0.039243816	8.47	98	2	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	354	5427	23420	27844	25164	28382	4459	6491	3593	1395	1100	1620	941	1357	1169	3727	1923	3598	1289	
AT4G10480.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	0.039275783	3.26	173	3	3	3	Col-0 KR	mpk6 OD	101055	101227	83474	69687	102147	84594	366107	595656	446804	110744	80510	101351	63717	58477	73098	98516	120221	53477	61481	
AT1G10510.1	emb2004 - RNA-like chaperone 1 protein	0.039602599	2.55	50	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	5529	7947	31748	29964	10380	7668	5262	1372	2626	3377	16241	18208	39173	54353	14275	23568	20243	47554	28215	
AT3G51120.1	DNA binding;zinc ion binding;nucleic acid binding;nucleic acid binding	0.039751862	2.29	50	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	4160	4471	5898	6417	10447	10934	6862	7159	5246	1953	1315	2887	5680	1860	1068	2630	1892	8244	2776	
AT4G08060.2;ATG	RAE, UPL3 - HECT, RCC1 and BTB domain ubiquitin-ligase(ubiquitin-transferase)	0.039957196	2.81	159	2	2	2	mpk6 OD	Col-0 KR	72788	68584	68265	74067	51548	45236	177678	175544	142592	44654	22515	47569	47194	20120	24721	49141	50496	24520	31699	
AT4G33630.1	EX1 - Protein of unknown function (DUF3506)	0.040494283	2.32	73	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	10797	12784	20596	19747	10255	14987	66469	127587	101329	27489	19026	33959	11069	33420	14606	36598	48049	14127	11804	
AT1G08420.1	BSL2 - BRI1 suppressor 1 (BSU1)-like 2	0.041051738	2.01	261	5	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	44925	42906	47010	52969	54958	62847	15578	8602	8986	15986	49443	30959	47791	57887	18480	34658	13255	68489	57315	
AT1G17050.1	SPS2 - solanesyl diphosphate synthase 2	0.041412009	2.17	79	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	11657	9684	48365	50783	21968	21531	7925	5395	3705	12552	20229	21312	35000	45921	19683	31846	18055	27661	34582	
AT4G39040.1;ATG	RNA-binding CRS1 / YhbY (CRM) domain protein	0.041576047	2.05	75	1	1	1	Col-0 OD	Col-0 KR	40956	36495	74668	92208	55374	63130	89291	59823	51770	15021	32148	22779	30782	28284	21789	41052	32799	30540	22303	
AT3G04920.1	Ribosomal protein S24e family protein	0.041929767	3.59	58	1	1	1	mpk6 OD	Col-0 KR	2903	2301	5018	6615	7005	8053	9989	47690	41704	11301	12797	5717	4405	3049	5811	4901	15935	6911	2853	
AT1G58025.2;ATG	DNA-binding bromodomain-containing protein	0.042091962	11.14	48	1	1	1	Col-

Tabelle B19

Sequence	# PSMs	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	Col-0 DD 4h (A2)	Col-0 KR 4h (B2)	Col-0 DD 4-6h (C2)	Col-0 KR 4-6h (D2)	Col-0 DD 6-7h (E2)	Col-0 KR 6-7h (F2)	Col-0 DD 7-8h (G2)	Col-0 KR 7-8h (H2)	mpk3 4h (I2)	mpk6 8h (J2)	# Missed Cleavages
RHSVSFATTR	21	AT4G15545.1	S3(Phospho)	1241.57846	S(3): 92.0; S(5): 8.0; T(8): 0.0; T	0	0.0003424	High	High				High		High	High	High	1
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabi	6	91	5	31	4	30							2	4	1	2			1	1	3	23
VALTSLQSLPR	7	AT1G76850.1	S8(Phospho)	1264.66619	T(4): 0.0; S(5): 0.3; S(8): 99.7	0	0.0003013	High	High				High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76850.1	exocyst complex component :	7	119	5	20	6	34					3	10	5	26	4	16	2	3	1	2	3	8
MFVKSPLNKK	57	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1271.65848	S(5): 100.0	0	0.003787	Medium				High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TP6	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
LLPLFPVTSPR	74	AT1G28280.1	S9(Phospho)	1319.71257	T(8): 6.6; S(9): 93.4	0	0.002315	High				High	Medium	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6	178	4	51			1	8			3	27	1	2	5	59			3	31		
VVVGGSELTSSPK	28	AT4G28080.1	S11(Phospho)	1339.64922	S(6): 0.0; T(9): 0.0; S(10): 0.6; S	0	0.000000157	High	High				High	High			Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TP6	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
SVETLSPFQQK	25	AT1G07110.1	S6(Phospho)	1343.62615	S(1): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 100.0	0	0.0003209	High	High			High	High	High	High	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14	350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35
SLSASSFLIDTK	71	AT1G07110.1	S3(Phospho)	1348.63835	S(1): 0.0; S(3): 100.0; S(5): 0.0;	0	1.324E-07	High	High			High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14	350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35
SLSDHIQKEPK	49	AT5G40450.1	S1(Phospho)	1361.64336	S(1): 100.0; S(3): 0.0	0	0.002796	High	High				High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
SRLSSAAAKPSVTA	71	AT4G31700.1	S5(Phospho)	1425.70683	S(1): 0.0; S(4): 10.7; S(5): 89.3;	0	0.002069	High	High			High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G31700.1	ribosomal protein S6	2	241	3	39	3	43	1	3	1	1	3	23	3	17	3	32	3	15	5	19	6	49
AEMGVEGTPPPASK	43	AT4G15802.1	T8(Phospho)	1450.62651	T(8): 100.0; S(13): 0.0	0	0.0000141	High	High				High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15802.1	heat shock factor binding pro	2	104	2	19	2	20					1	9	2	18	1	23	1	5	1	3	1	7
RAASGSLAPPNADR	90	AT4G11740.1	S4(Phospho)	1462.68022	S(4): 98.6; S(6): 1.4	0	0.001419	High	High			High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
EVSTLSDPGSPRR	20	AT4G25150.1	S10(Phospho)	1480.67803	S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 0.2; S(	0	0.0005109	High	High				High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p;	8	391	7	44	8	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55
KSVSTPFMNTTAK	38	AT1G37130.1	S4(Phospho)	1491.69133	S(2): 0.0; S(4): 90.0; T(5): 9.9; T	0	0.0005478	High	Medium			High	High	High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30	2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340
SRSPAPYNTHER	67	AT2G20950.1	S3(Phospho)	1494.64734	S(1): 50.0; S(3): 50.0; Y(7): 0.0;	0	0.0005136	High	High			High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like	5	88	3	23	1	20					1	1	2	10	3	17	1	2	2	10	1	5
TQRPPSPSLTAQR	50	AT4G23040.1	S6(Phospho)	1518.74036	T(1): 0.0; S(6): 100.0; S(8): 0.0;	0	0.0001555	High	High			High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	356	6	52	5	55	1	26	1	22	3	12	4	50	4	51	3	8	4	15	7	65
AASGSLAPPNADRSR	38	AT4G11740.1	S14(Phospho)	1549.71135	S(3): 0.0; S(5): 0.0; S(14): 100.0	0	0.0008677	High	High				Medium	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
SSPGGRSPGFETGSR	69	AT4G13350.1	S7(Phospho)	1558.66203	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(7): 100.0;	0	0.001949	High	High				High	High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)	5	235	5	58	4	39					3	12	4	45	3	13	3	11	3	34	4	23
NATEVPSPDYSQGK	84	AT1G20760.1	S7(Phospho)	1572.65227	T(3): 0.0; S(7): 99.4; Y(10): 0.6;	0	0.0002578	High	High			High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand fam	6	160	3	24	3	34	1	4	1	1	2	11	4	14	4	38	3	8	2	11	2	15
VGVGAESPAAATDCSK	50	AT3G54760.2	S7(Phospho); C14(Carbamidomet	1599.67058	S(7): 100.0; T(12): 0.0; S(15): 0.	0	0.000003706	High	High				High	High			High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-re	10	238	5	38	6	52	3	7	2	10	2	7	5	32	5	32	2	4	4	21	5	35
SLSASGSFRNDSTPK	69	AT1G07110.1	S7(Phospho)	1633.71977	S(1): 0.1; S(3): 0.1; S(5): 12.9; S	0	0.0007622	High	High			High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14	350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35
ALSESTNLHPFMTK	47	AT3G45780.1	S3(Phospho)	1655.74895	S(3): 100.0; S(5): 0.0; T(6): 0.0;	0	0.00004463	High	High			High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45780.1	phototropin 1	8	289	8	68	6	69					3	23	4	16	5	43	4	21	3	22	5	27
HSPSYGSQVHGGTHR	16	AT4G00752.1	S2(Phospho)	1686.71189	S(2): 99.4; S(4): 0.6; Y(5): 0.0; S	0	0.00007778	High	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00752.1	UBX domain-containing prote	2	18	1	14	1	2									1	2						
YGGNDSDEDEEKKK	11	AT5G39570.1	S6(Phospho)	1693.65763	Y(1): 0.0; S(6): 100.0	0	0.000292	High	Medium				Medium	High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10	68	1	3	1	3					1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15
ELSALLYALHLNLR	64	AT5G45490.1	Y7(Phospho)	1705.90505	S(3): 0.0; Y(7): 100.0	0	0.000243	High	High				High	High	High	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45490.1	P-loop containing nucleoside	2	35	1	7	1	7					2	3			2	11	1	7				
VVVGGSELTSSPKEIK	187	AT4G28080.1	T9(Phospho)	1709.87175	S(6): 0.0; T(9): 88.8; S(10): 5.6;	0	0.000006647	High	High			High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TP6	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
SPAPPCGGLPPPSPSGR	23	AT2G31370.5	C6(Carbamidomethyl); S13(Phos	1710.76164	S(1): 0.0; S(13): 99.8; S(15): 0.2	0	0.0002584	High	High				High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G31370.5	Basic-leucine zipper (bZIP) tr	3	190	3	45	3	41					1	12	2	21	2	33	2	10	1	11	2	17
KSASFHTLDELEVR	144	AT1G64500.1	S4(Phospho)	1711.80429	S(2): 7.1; S(4): 85.8; T(7): 7.1	0	0.0009753	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	6	317	4	55	4	60	3	33	4	43	2	12	3	37	2	37	2	13	3	16	2	11
DVPSPYGSTSSAPVMR	22	AT4G05150.1	S4(Phospho)	1730.74065	S(4): 98.8; Y(6): 1.2; S(8): 0.0; T	0	0.004559	High	High				High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p;	8	391	7	44	8	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55
NYSPPSIDAVGPIPTK	20	AT1G34220.1	S3(Phospho)	1735.82500	Y(2): 8.4; S(3): 91.6; S(6): 0.0; T	0	0.0003872	High					High	High	High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
SGSPEEEHASINPAER	227	AT4G11740.1	S1(Phospho)	1789.73723	S(1): 50.0; S(3): 50.0; S(10): 0.0	0	9.581E-07	High	High				High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
AVDSLPLPRPSSSEVR	94	AT3G07660.1	S11(Phospho)	1789.89018	S(4): 0.0; S(11): 8.1; S(12): 83.8	0	0.005024	High	High			High	Medium	High	High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G07660.1	Kinase-related protein of unkı	2	96	1	24	1	23					1	4	1	14	1	16	2	11			1	4
SPSYKEVALAPPGSIAK	194	AT1G01320.2	S3(Phospho)	1794.89971	S(1): 0.1; S(3): 99.8; Y(4): 0.1; S	0	0.0001376	High	High			High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01320.2	Tetratricopeptide repeat (TP6	5	498	2	57	3	53	2	44	2	32	3	50	3	30	2	66	2	23	3	51	3	92
TVVLTGGSACLPGLSER	71	AT5G56180.1	C10(Carbamidomethyl); S15(Pho	1796.85710	T(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 15.8; S	0	0.003934	Medium	Medium			High	Medium	Medium	High	Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56180.1	actin-related protein 8	3	74	1	8	1	13					1	9	1	6	2	15	1	6	1	6	2	11
LRPKSPSSSLDDVEAK	19	AT4G33400.1	S5(Phospho)	1808.87217	S(5): 99.7; S(7): 0.3; S(8): 0.0; S	0	0.0009811	High	High				High	High	High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation,	2	16	1	6									2	4	1	6						

RAPSPGGGSSTIVTLADR	94	AT1G79280.1	S9(Phospho)	1821.88346	S(4): 7.6; S(9): 84.7; S(10): 7.6;	0	0.000001237	High	High					High	High	High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79280.1	nuclear pore anchor	8	279	4	42	3	49					5	25	5	39	6	64	3	21	4	14	5	25
TVDGETENLPNGDSSPK	17	AT4G28080.1	S15(Phospho)	1839.76531	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(14): 0.8; S	0	0.000001572	High	High					High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
INRGSQVISEIIETAR	68	AT1G63780.1	S5(Phospho)	1865.95365	S(5): 50.0; S(9): 50.0; T(14): 0.0	0	0.003288	Medium	High		High		High	High		High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63780.1	Ribosomal RNA processing Br	1	67	1	9	1	22							1	6	1	6			1	11	1	13
SLRKSEDHVENNLSAK	27	AT2G35050.1	S5(Phospho)	1906.89823	S(1): 0.0; S(5): 100.0; S(14): 0.0	0	0.001949	High	High				High	High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35050.1	Protein kinase superfamily pr	8	211	3	27	4	39	1	5	1	2	2	12	6	27	5	23	3	18	5	26	4	32
DSSSIAGSSSPIPATVSTGK	68	AT2G38410.1	S10(Phospho)	1928.88140	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(	0	6.147E-08	High	High				High	High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protei	3	213	3	53	2	53	1	12	2	13	1	14	2	25	2	30	2	5			1	8
SSGANVSGSSSRTPTHQSSR	41	AT3G25070.1	S10(Phospho)	1982.86557	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(7): 0.0; S(	0	0.003285	High	High						High	High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	3	53	2	15	2	25											1	2	2	6	2	5
TLEAPLPGSLSAVNNATTR	102	AT3G05420.1	S9(Phospho)	1991.97820	T(1): 0.0; S(9): 99.3; S(11): 0.7;	0	5.337E-08	High	High	High	High	High	High	High	High	High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05420.1	acyl-CoA binding protein 4	9	330	5	48	6	74	1	6	1	13	5	30	8	45	6	44	4	16	4	20	6	34
EVTGAKYDDLVAAIETAR	127	AT3G02730.1	Y7(Phospho)	2001.95249	T(3): 0.0; Y(7): 100.0; T(16): 0.0	0	0.0001831	High	High	High	High		High	High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G02730.1	thioredoxin F-type 1	4	147	3	42	2	55	1	6	1	9	1	4	2	8	2	10	3	13				
VHLSESPKAASSTQEAER	47	AT4G17720.1	S6(Phospho)	2006.91684	S(4): 1.1; S(6): 98.9; S(11): 0.0;	0	0.0003584	High	High						High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	3	178	2	17	2	22					1	18	2	20	2	42	1	15	1	13	2	31
SRSGSPEEEHASINPAER	143	AT4G11740.1	S3(Phospho)	2032.87204	S(1): 1.2; S(3): 98.6; S(5): 0.2; S	0	0.00005028	High	High				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
VYSDDERSDHGVQAGYR	64	AT2G01190.1	S3(Phospho)	2033.83023	Y(2): 2.1; S(3): 97.9; S(8): 0.0; Y	0	0.002164	High	High				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	4	148	3	21	3	27					1	9	2	23	2	21	2	11	3	9	2	27
NVETNTPEHVSQTETSAK	34	AT2G35050.1	S11(Phospho)	2051.88506	T(4): 0.0; T(6): 0.0; S(11): 99.7;	0	0.0004158	High	High					High	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35050.1	Protein kinase superfamily pr	8	211	3	27	4	39	1	5	1	2	2	12	6	27	5	23	3	18	5	26	4	32
INPLNPVFNPVNSAFSPR	30	AT1G28280.1	S16(Phospho)	2063.01128	S(13): 0.0; S(16): 100.0	0	0.000000776	High			High				High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6	178	4	51			1	8			3	27	1	2	5	59			3	31		
SMDMTPKSPEPESETPTR	127	AT3G28920.1	S8(Phospho)	2099.86333	S(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 100.0;	0	0.0003625	High	High				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28920.1	homeobox protein 34	3	255	2	33	2	50					2	26	3	33	3	35	2	20	2	23	2	35
GTSPQPRPQQEPAPSNPVR	57	AT3G45780.1	S3(Phospho)	2123.00223	T(2): 10.4; S(3): 89.6; S(15): 0.0	0	0.0000315	High	High				High	High		High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45780.1	phototropin 1	8	289	8	68	6	69					3	23	4	16	5	43	4	21	3	22	5	27
DVPIHHPLSELSDREESR	63	AT5G52310.1	S12(Phospho)	2196.00528	S(9): 1.0; S(12): 99.0; S(17): 0.0	0	0.00001344	High	High	High	High		High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
RREESGAANGSPPPSGGSRPR	29	AT4G38710.1	S11(Phospho)	2202.01333	S(5): 0.0; S(11): 100.0; S(15): 0.	0	0.0005574	Medium							High	High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	4	99	2	8							1	5	1	16	2	25	1	2	1	5	4	38
SAIPDTRPRTPIHESAATGR	31	AT2G20960.1	T6(Phospho)	2213.08518	S(1): 0.0; T(6): 100.0; T(10): 0.0	0	0.0008906	High	High				High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
AASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	209	AT5G52310.1	S3(Phospho)	2227.94219	S(3): 100.0	0	1.925E-07	High	High		High		High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
TETGMDTNSPSRSHEFDLK	73	AT5G52310.1	S9(Phospho)	2231.92398	T(1): 0.0; T(3): 0.0; T(7): 0.2; S(	0	0.005051	High	Medium				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
SNTSDTRPRTPIHESAATGR	160	AT2G20960.1	S4(Phospho)	2234.05553	S(1): 0.1; T(3): 0.5; S(4): 33.1; T	0	0.00001416	High	High		High		High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
VGADDLSDSEKEKPNLVGDGK	67	AT4G02510.1	S7(Phospho)	2253.02397	S(7): 87.6; S(9): 12.4	0	0.0003155	High	High					High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02510.1	translocon at the outer envel	7	614	5	125	5	139	4	57	4	40	3	31	5	50	5	63	3	19	4	38	3	52
ASSGIEAHSDEANISNNMSDR	92	AT4G02510.1	S9(Phospho)	2284.91159	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 100.0;	0	4.174E-07	High	High				High	High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02510.1	translocon at the outer envel	7	614	5	125	5	139	4	57	4	40	3	31	5	50	5	63	3	19	4	38	3	52
HYSEDVGEVQASQEKPVSPK	51	AT4G27430.1	S18(Phospho)	2296.08098	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(12): 0.0; S	0	0.00007347	High	High		High		High	High	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	3	67	2	13	2	10					2	2	2	18	2	8	1	2	1	5	1	9
LSEDTGSPHHHADILMVQEK	97	AT2G17410.2	S7(Phospho)	2324.03702	S(2): 0.0; T(5): 11.4; S(7): 88.6	0	0.000002808	High	High				High	High	High	High	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17410.2	ARID/BRIGHT DNA-binding d	6	168	3	41	3	39	1	1			3	16	4	32	3	17	2	3	3	9	2	10
SHSVSGDLHGVQPDPIAADILR	89	AT2G38280.1	S3(Phospho)	2364.13950	S(1): 0.8; S(3): 99.2; S(5): 0.0	0	0.00001302	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / m	10	133	5	27	4	27	3	19	2	9	1	1	2	17	1	14	3	6	4	11	2	2
LKPAAVKPPEVDSVKPPATPPR	136	AT1G64500.1	T19(Phospho)	2374.28592	S(13): 0.0; T(19): 100.0	0	0.000002668	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	6	317	4	55	4	60	3	33	4	43	2	12	3	37	2	37	2	13	3	16	2	11
TGKPQGVGVRNSGGTENDPNGKK	31	AT3G45780.1	S12(Phospho)	2377.12295	T(1): 1.3; S(12): 97.5; T(15): 1.3	0	0.003317	High	High						High	High	High	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45780.1	phototropin 1	8	289	8	68	6	69					3	23	4	16	5	43	4	21	3	22	5	27
LPISGGGSGVEEQRGEDKSVSGR	18	AT5G52310.1	S19(Phospho)	2381.09964	S(4): 1.7; S(8): 19.4; S(19): 73.3	0	0.003582	High	High					Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
STPGSPAHPPGARSPPPSYLSNK	68	AT4G38550.1	S14(Phospho)	2382.02577	S(1): 0.0; T(2): 0.0; S(5): 0.0; S(	0	0.0003872	High	High				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
YATYDNRPRTPIHESAATER	155	AT2G20960.1	T3(Phospho)	2428.10219	Y(1): 8.5; T(3): 83.1; Y(4): 8.5; T	0	0.00002316	High	High				High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
ILSGQAAIGSETVQTSPIENDHK	41	AT1G60200.1	S16(Phospho)	2475.16733	S(3): 0.0; S(10): 0.0; T(12): 0.2;	0	0.0001264	High	High	High	High	High	High	High	High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-co	6	181	2	35	3	33	1	3	1	8	3	18	3	39	2	29	2	15			1	1
TVVASIADETVAESSGTGNKSFSR	25	AT3G07020.1	S15(Phospho)	2493.14664	T(1): 0.0; S(5): 0.0; T(10): 0.8; S	0	0.00871	High			High	High			High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase supe	1	31	1	3			1	8	1	8					1	6	1	6				
SDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	550	AT1G37130.1	S3(Phospho)	2520.22629	S(1): 9.6; S(3): 90.4; T(11): 0.0;	0	4.854E-07	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30	2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340
VVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	132	AT4G02510.1	S6(Phospho)	2596.16800	S(6): 100.0; S(21): 0.0; S(22): 0.	0	0.000001009	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

	AT4G02510.1	translocon at the outer envelo		7	614		5	125	5		139	4	57	4	40	3	31	5	50	5	63	3	19	4	38	3	52			
SALASSACTEQINKPTPMLSPVSVK	117	AT4G28080.1	C8(Carbamidomethyl); S20(Phosp		2696.30198	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(		0	1.846E-08	High	High				High	High	High	High	High	High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR		30	1288		15	222	12	222		5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166			
FGPLASGLENETTLPSYGSSPPRDK	207	AT4G29440.2	S20(Phospho)		2700.25229	S(6): 0.0; T(12): 0.0; T(13): 0.0;		0	0.000001008	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G29440.2	Regulator of Vps4 activity in t		5	215		2	32	1	38	2	25	1	21	1	14	1	22	4	43	1	9			1	11				
KVVEGDSAEEDENKLPVEDIVSSR	207	AT4G02510.1	S7(Phospho)		2724.25705	S(7): 100.0; S(22): 0.0; S(23): 0.		0	3.07E-10	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G02510.1	translocon at the outer envelo		7	614		5	125	5		139	4	57	4	40	3	31	5	50	5	63	3	19	4	38	3	52			
ISTEKAASEEGEAVEEEVKGGGGMVGR	177	AT5G52310.1	S8(Phospho)		2786.24576	S(2): 0.0; T(3): 0.0; S(8): 100.0		0	0.00001424	High	High				High	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p		33	1799		22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225				
SSKPNPFDSDDESDNKHTLNPSKR	120	AT5G61210.1	S9(Phospho)		2795.22123	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(9): 99.9; S		0	0.0001159	High	High				High	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sen		3	143		2	24	1	20					1	9	2	21	3	30	1	8	1	11	1	20				
SEVDDMALTETGKESNEVDGSGSPGVK	15	AT5G47480.1	S23(Phospho)		2802.23563	S(1): 0.0; T(9): 0.0; T(11): 0.0; S		0	0.0001647	High	High				Medium				1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G47480.1	RGPR-related		4	40		3	11	2	12							1	4	3	13										
IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	227	AT5G52310.1	S17(Phospho)		2832.32151	T(10): 0.0; S(17): 100.0; S(20): (		0	0.00001161	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p		33	1799		22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225				
VHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	559	AT1G37130.1	S9(Phospho)		2991.14664	S(9): 50.0; S(10): 50.0; T(16): 0.		0	5.313E-07	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2		30	2867		14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340				
KIEPSSNVDSLPVSPSLALYSGGDYFAR	77	AT2G20960.1	S14(Phospho)		3049.45676	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(10): 0.0; S		0	8.713E-09	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik		17	588		12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62				
HPSIVVTPADSDPLFAPPSYYSESRSPR	147	AT5G07120.1	S26(Phospho)		3152.47080	S(3): 0.0; T(7): 0.0; S(11): 0.0; S		0	0.0008343	High	High	High	High		High	High			Medium		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G07120.1	sorting nexin 2B		2	165		1	24	1	26	1	26	1	25	1	6	2	14	1	30			1	6	2	8				
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNRTPERPR	32	AT4G38550.1	Y17(Phospho)		3352.44619	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.2; S		0	0.0002121	High					High	High	High		High		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-lik		16	711		9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17				
TEEDENDDEDHEHKDDKTSPDSIVMVEAK	122	AT5G40450.1	S19(Phospho)		3437.38393	T(1): 0.0; T(18): 2.9; S(19): 97.0		0	0.00001017	High	High				High	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION:		37	1895		23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123				
NVVEPISPMSAR	26	AT2G41900.1	S7(Phospho)		1379.63494	S(7): 99.9; S(10): 0.1		0	0.004192	High					High	High	High		High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein		5	70		2	9	1	1					3	11	2	5	6	25	1	1	2	13	2	5				
RDSFSSKPYSR	54	AT1G03350.1	S3(Phospho)		1409.61911	S(3): 96.8; S(5): 1.6; S(6): 1.6; Y		0	0.006335	High	Medium				Medium	High	High	High	High		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G03350.1	BSD domain-containing prote		3	93		3	31	3	29					1	3	2	10	2	14	1	1	1	3	1	2				
MTAIDSDDDGVVR	46	AT1G70770.1	S6(Phospho)		1473.59209	T(2): 0.0; S(6): 100.0		0	0.0008641964	High	High				High	High	High		High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G70770.1	Protein of unknown function (		3	54		1	6	1	8				1	2	1	6	1	7	1	3			2	10	2	12				
LITESSGSPSKAEK	30	AT1G76850.1	S10(Phospho)		1513.71318	T(3): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(		0	0.000469	High	High									High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G76850.1	exocyst complex component :		7	119		5	20	6	34					3	10	5	26	4	16	2	3	1	2	3	8				
NSSPPSPFHPAAYK	74	AT4G38550.1	S6(Phospho)		1579.69292	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(6): 100.0;		0	0.002394	High	High				High	High	High		High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-lik		16	711		9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17				
AQPRPPSPLTAQR	128	AT4G11740.1	S9(Phospho)		1585.78130	S(7): 10.8; S(9): 89.1; T(11): 0.0		0	0.004188	High	High				High	High	High	High	High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily prot		10	970		9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154				
LGDSQDRVSQSVVR	33	AT1G17210.1	S9(Phospho)		1625.76384	S(4): 0.0; S(9): 99.9; S(11): 0.1		0	0.0003938	High	High				High	High					1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G17210.1	IAP-like protein 1		13	202		8	43	5	41	1	3			3	8	5	38	8	29	1	4	2	14	3	22				
RAASGSLAPPNADRSR	30	AT4G11740.1	S15(Phospho)		1705.80979	S(4): 0.0; S(6): 0.0; S(15): 100.0		0	0.0006843	High	High				Medium	High	High	High	Medium		2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily prot		10	970		9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154				
NLSGKAETMSTNVER	93	AT5G41950.1	S3(Phospho)		1716.76103	S(3): 100.0; T(8): 0.0; S(10): 0.0		0	0.000479	High	High				High	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR		6	199		4	18	4	29	1	1	1	7	4	24	4	29	5	34	3	12	2	23	3	22				
VIADKPSDEEDDRQR	43	AT1G80930.1	S7(Phospho)		1852.80686	S(7): 100.0		0	0.000226	High	High				Medium	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G80930.1	MIF4G domain-containing pro		2	71		1	6	1	6					2	7	2	15	2	16			2	8	2	13				
THLADVVPSSSPTTMEK	138	AT2G28290.2	S11(Phospho)		1879.84599	T(1): 0.0; S(9): 0.7; S(10): 0.7; S		0	3.345E-07	High	High				High	High	High		High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G28290.2	P-loop containing nucleoside		11	166		5	31	4	63	1	1	1	2	1	8	2	31	3	7	2	2	1	1	4	20				
VTSNEVTRHSFSESALR	2	AT1G75100.1	S10(Phospho)		1999.92240	T(2): 0.0; S(3): 0.0; T(7): 0.1; S(		0	0.002792	High	High										1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G75100.1	J-domain protein required for		7	45		4	11	3	13			1	1			3	14	1	2	1	2			1	2				
HVDEHKSGEHKEGIVDK	37	AT1G54410.1	S7(Phospho)		2023.92129	S(7): 100.0		0	0.001354	High	High				Medium	High	Medium				2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G54410.1	dehydrin family protein		1	37		1	11	1	16							1	3	1	5	1	2								
AQDHARSPGTENYTEKR	53	AT5G53440.1	S7(Phospho)		2039.88974	S(7): 100.0; T(10): 0.0; Y(13): 0.		0	0.0001139	High	High				Medium	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G53440.1	unknown protein; FUNCTION:		5	94		3	26	3	26					2	3	4	14	3	12	2	7	1	2	3	4				
VYSDDERSDHGVQAGYR	44	AT2G01190.1	S3(Phospho); S8(Phospho)		2113.79912	Y(2): 50.0; S(3): 50.0; S(8): 100.		0	0.00002094	High	High				High	High	High		High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p		4	148		3	21	3	27					1	9	2	23	2	21	2	11	3	9	2	27				
VRDESFDEAVLDSPEVKR	75	AT1G13360.3	S13(Phospho)		2171.00443	S(5): 0.0; S(13): 100.0		0	2.133E-07	High	High				High	High	High	High	High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT1G13360.3	unknown protein; FUNCTION:		2	79		1	16	2	18			1	2	1	2	1	6	1	9	2	4	1	9	1	13				
YGSTDHDNLSSGKKSPDSAK	46	AT5G11710.1	S15(Phospho)		2173.93027	Y(1): 0.0; S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(		0	0.0005768	High	High				High	Medium			High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein		1	46		1	12	1	10					1	1			1	6			1	5	1	12				
KNVETNTPEHVSQTETSAK	96	AT2G35050.1	S12(Phospho)		2179.98868	T(5): 0.0; T(7): 0.0; S(12): 90.0;		0	0.00001271	High	High				High	High	High	High	High	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G35050.1	Protein kinase superfamily pr		8	211		3	27	4	39	1	5	1	2	2	12	6	27	5	23	3	18	5	26	4	32				
ATETNENLINSFIEITSSSR	21	AT4G15410.1	T4(Phospho)		2306.04197	T(2): 8.1; T(4): 91.9; S(11): 0.0;		0	0.00000422	High	High	High			High						0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G15410.1	serine/threonine protein phos		4	112		2	12	2	16	1	2			2	18	2	15	4	9			1	12	3	28				
ATPTQEAIDTFMTITGSSNAVAVR	176	AT4G23040.1	T4(Phospho)		2561.13449	T(2): 9.8; T(4): 90.2; T(10): 0.0;		0	0.00002896	High	High				High	High	High	High	High	High	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily prot		10	356		6	52	5	55	1	26	1	22	3	12	4	50	4	51	3	8	4	15	7	65				
NSSPPSPLHPAASHSPPPPQPYR	67	AT4G38550.1	S6(Phospho); S15(Phospho)		2578.12772	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(6): 99.9; S		0	0.000138	High	High				High	High	High		High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-lik		16	711		9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17				
NEESVLLIPELILSPQERPPSR	30	AT2G20960.1	S14(Phospho)		2630.31882	S(4): 0.0; S(14): 100.0; S(21): 0.		0	0.00158	High	High	High	High								0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2				
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik		17	588		12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62				
ATPNQEAIDTFISITGASDAVALQK	50	AT4G11740.1	T2(Phospho)		2641.26029	T(2): 100.0; T(10): 0.0; S(13): 0.		0	1.023E-07	High	High	High	High		High	High					0								

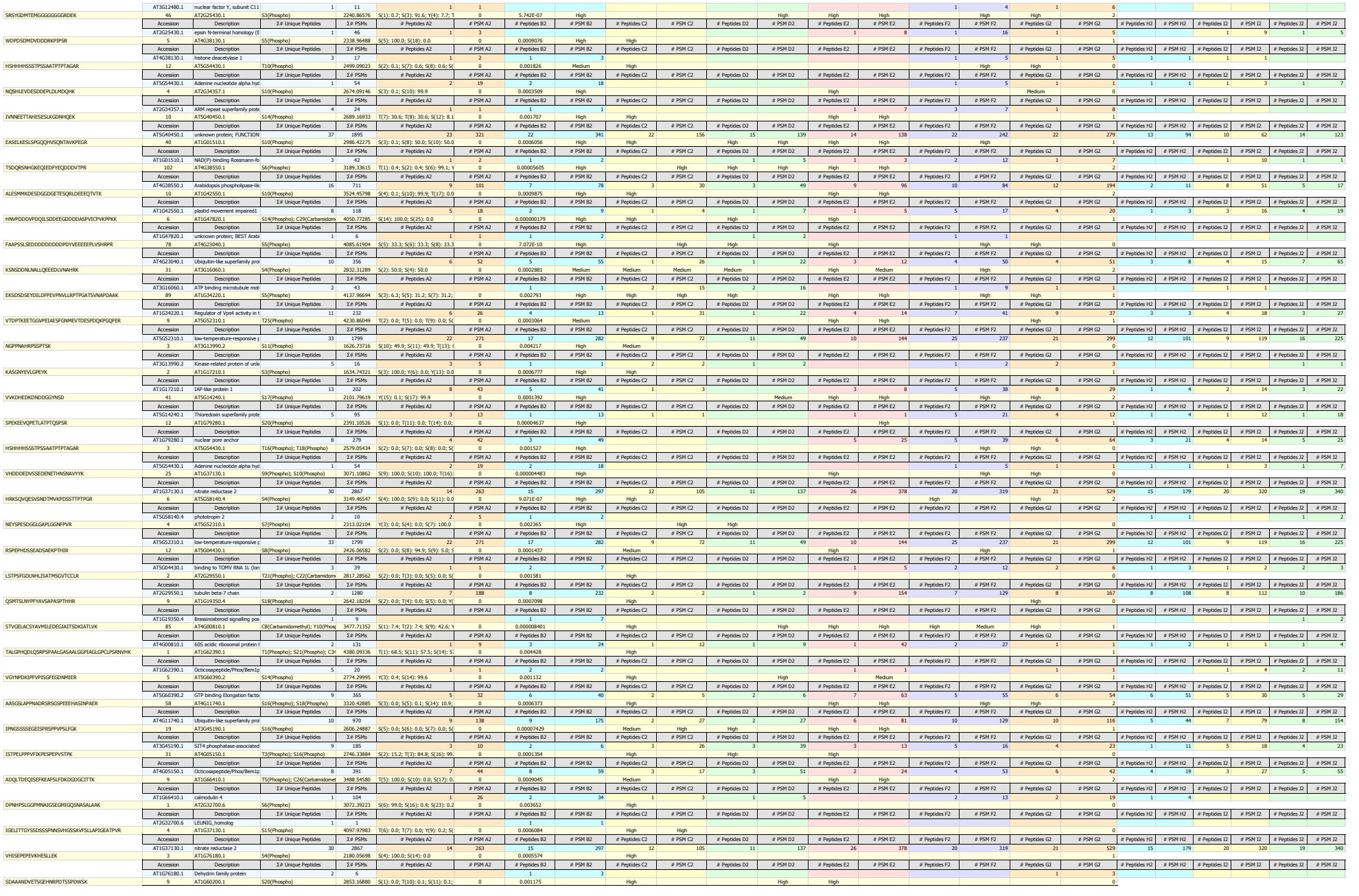
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily prot	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
RGGDVESGKSEHADSDSDTFYIPSK	56	AT5G57110.1	S15(Phospho)	2764.18447	S(7): 0.5; S(10): 0.1; S(15): 96.5	0	0.00005818	High	Medium				High	High		High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57110.1	autoinhibited Ca2+ -ATPase,	3	131	2	24	2	36					1	5	2	28	2	6			3	23	3	9
ADSVEGTVVDRDGDEVNDDSAGPSKR	66	AT1G17210.1	S3(Phospho)	2770.17881	S(3): 100.0; T(7): 0.0; S(20): 0.0	0	5.06E-08	High	High			High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17210.1	IAP-like protein 1	13	202	8	43	5	41	1	3			3	8	5	38	8	29	1	4	2	14	3	22
SQVDGSTEQSPKLESASSTEPEELKK	140	AT1G04080.1	S10(Phospho)	2871.30246	S(1): 0.0; S(6): 0.0; T(7): 1.4; S(	0	0.0001392	High	High			High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	4	191	1	23	2	24					4	27	4	31	4	25	3	16	3	12	2	33
MSTVGELACSYAVMILEDEGIATTADK	35	AT1G01100.3	T3(Phospho); C9(Carbamidometh	2967.33542	S(2): 32.8; T(3): 32.8; S(10): 32.	0	0.002803	High	High			High					Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein f	6	864	6	128	7	218	5	59	3	38	2	95	4	89	3	54	1	45	2	61	3	77
ASLEPKEEVDHISNETEEHEHVLER	78	AT5G40450.1	S13(Phospho)	3036.35758	S(2): 0.0; S(13): 99.6; T(16): 0.4	0	0.002139	High	High	High	High	Medium	High	High	High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
ASEAEHEDPVDDIKSNDDRDFPTEQAPK	120	AT5G40450.1	S15(Phospho)	3235.36635	S(2): 0.0; S(15): 97.5; T(23): 2.5	0	0.00002088	High	High	High	High	High	High	High	High		High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
ADQLTDDQISEFKEAFSLFDKDGDGCITTK	41	AT2G41110.1	T5(Phospho); C26(Carbamidomet	3474.52797	T(5): 100.0; S(10): 0.0; S(17): 0.	0	0.00007866	High	High					High	High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41110.1	calmodulin 2	2	137	2	33	2	47	1	3	1	5			2	18	3	26	2	5				
ELDSSSEAVSGNSDKVGADDLSDSEKEKPNLVGDGK	112	AT4G02510.1	S22(Phospho)	3758.65757	S(4): 0.0; S(5): 0.1; S(6): 0.2; S(	0	0.008279	High	High	High	High	High	High	High	Medium	High	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02510.1	translocon at the outer envel	7	614	5	125	5	139	4	57	4	40	3	31	5	50	5	63	3	19	4	38	3	52
MNVLLHYPTYR	56	AT3G29255.1	T9(Phospho)	1486.68830	Y(7): 0.0; T(9): 50.0; Y(10): 50.0	0	0.0005115	High	Medium			Medium	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29255.1	catalytics;intramolecular trans	1	13									1	13										
ESSDEALVSMLASR	17	AT5G40450.1	S3(Phospho)	1574.67620	S(2): 8.0; S(3): 92.0; S(9): 0.0; S	0	8.507E-07	High	High			High	High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
FENVFSSISSSPTK	62	AT4G12770.2;AT4G12780.2	S11(Phospho)	1609.71477	S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 0.6; S(	0	0.0003493	High	High					High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12770.2	Chaperone Dnaj-domain sup	2	113	3	31	2	33			1	3			1	6	3	23	1	6	2	6	2	5
	AT4G12780.2	Chaperone Dnaj-domain sup	1	86	3	32	2	20							1	2	2	24			2	7	1	1
LTPPGSPPILSASGTPK	37	AT4G15545.1	S6(Phospho)	1699.86699	T(2): 0.0; S(6): 82.2; S(11): 2.7;	0	0.0002611	High	Medium							High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabi	6	91	5	31	4	30							2	4	1	2			1	1	3	23
FTDSALASAVFSPTHK	18	AT2G41900.1	S12(Phospho)	1758.80913	T(2): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.0; S(	0	0.00004302	High				Medium		High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein	5	70	2	9	1	1					3	11	2	5	6	25	1	1	2	13	2	5
TETLDQFSPELSHPK	21	AT5G52310.1	S8(Phospho)	1808.80266	T(1): 0.0; T(3): 0.0; S(8): 100.0;	0	0.0004815	High	High					Medium	High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
AAGVSIESYWPMLFAK	9	AT1G01100.3	S5(Phospho)	1849.85428	S(5): 99.7; S(8): 0.3; Y(9): 0.0	0	0.001741	Medium	High				High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein f	6	864	6	128	7	218	5	59	3	38	2	95	4	89	3	54	1	45	2	61	3	77
SYTNLLDLASGNFPVMGR	52	AT1G06410.1	T3(Phospho)	2034.93413	S(1): 1.0; Y(2): 9.1; T(3): 89.9; S	0	5.344E-08	High	High				High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G06410.1	trehalose-phosphatase/synth	4	69	2	25	1	11	1	1			2	7	3	22	1	1	1	1	1	1		
GFYLHPSPATTPMDPEPR	53	AT1G28280.1	S7(Phospho)	2092.91855	Y(3): 0.0; S(7): 91.4; T(10): 8.6;	0	0.0001549	High	High			High		High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6	178	4	51			1	8			3	27	1	2	5	59			3	31		
KEEKEESDDDMGFSLFE	183	AT2G27720.1;AT2G27710.4;	S7(Phospho)	2114.81255	S(7): 100.0; S(14): 0.0	0	0.00002888	High	High			High	High	High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein f	1	191	2	47	2	57			1	2	1	19	1	28	1	9			1	11	1	18
	AT3G44590.2	60S acidic ribosomal protein f	1	185	1	46	1	50			1	2	1	19	2	30	1	9			1	11	1	18
	AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein f	1	185	1	46	1	50			1	2	1	19	2	30	1	9			1	11	1	18
KKDEPAEESDGDLGFGLFD	340	AT1G01100.3	S9(Phospho)	2148.89946	S(9): 100.0	0	0.00002706	High	High	High	High	High	High	High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein f	6	864	6	128	7	218	5	59	3	38	2	95	4	89	3	54	1	45	2	61	3	77
KKEESEEEEGDFGFDLFG	240	AT5G57290.3;AT4G25890.1	S5(Phospho)	2171.86333	S(5): 100.0	0	0.001878	High	High	High	High	High	High	High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57290.3	60S acidic ribosomal protein f	1	344	2	58	2	55	2	68	3	53	2	24	2	37	2	27	1	6	1	6	2	10
	AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein f	1	332	2	57	2	51	2	68	2	52	2	23	2	37	2	20	1	6	1	7	2	11
SFVVEESDDDMDETEEVKPK	172	AT4G22670.1	S7(Phospho)	2407.96799	S(1): 0.0; S(7): 100.0; T(14): 0.0	0	5.103E-07	High	High	High	High	High	High	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G22670.1	HSP70-interacting protein 1	6	508	2	40	4	55	3	16	3	22	5	70	6	74	4	73	3	27	5	49	5	82
GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPK	132	AT5G52310.1	S15(Phospho)	2591.13883	T(8): 0.0; S(15): 99.9; S(18): 0.1	0	1.723E-09	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
LVKPEATVHEDDDSDEGWQEAVPK	126	AT4G28080.1	S14(Phospho)	2774.22342	T(7): 0.0; S(14): 100.0	0	0.00005851	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
AKETGPEIETAVDGESVHEIETTER	84	AT5G40450.1	S16(Phospho)	2807.25840	T(4): 0.0; T(10): 0.0; S(16): 100.	0	8.648E-08	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
LAPAEAVVEDNQKASDIEEGDEVDSK	85	AT1G52380.1	S15(Phospho)	2838.25870	S(15): 100.0; S(25): 0.0	0	3.02E-09	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa)	8	221	4	21	3	23	1	5	2	5	3	20	5	36	2	27	2	11	4	30	4	43
NDSGRNEYSPESDGGLGAPLGGNFPVR	78	AT5G52310.1	S3(Phospho)	2842.24198	S(3): 88.7; Y(8): 11.1; S(9): 0.2;	0	4.51E-10	High	High	High	High	High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
NLSLNPTASAAPVTPPKKDDKPED1LFK	25	AT1G21380.1	T14(Phospho)	3086.58315	S(3): 0.0; T(7): 0.0; S(9): 0.0; T(	0	0.00007764	High	High	High	High	High	High	High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	8	426	6	78	7	72	4	17	3	15	4	35	6	48	6	63	3	24	3	20	4	54
TESGNDKNSPMGFGSESGAELEKEFDQK	52	AT5G52310.1	S15(Phospho)	3098.29831	T(1): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 0.0; S(	0	0.004417	High	High				High	High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
HDAIASGSPLPVQASGSPLSVQASKPADSSPK	131	AT2G38410.1	S15(Phospho)	3166.53696	S(6): 0.0; S(8): 0.0; S(15): 99.8;	0	1.311E-08	High	High	High	High	High	High	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protei	3	213	3	53	2	53	1	12	2	13	1	14	2	25	2	30	2	5			1	8
SHELDLKNESDIDKDVPTGFDGEPDFLAK	212	AT5G52310.1	S10(Phospho)	3311.49900	S(1): 0.0; S(10): 100.0; T(18): 0.	0	0.00003754	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
GKPLEQAPLASSSSAPSLAAAASNATSTATEAPSVK	363	AT2G40730.1	S14(Phospho)	3448.68821	S(11): 0.3; S(12): 1.8; S(13): 1.8	0	1.1E-13	High	High	High	High	High	High	High	High	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G40730.1	Protein kinase family protein	2	365	1	44	1	27	1	39	1	35	1	24	2	45	1	39	1	10	1	36	1	66
SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	36	AT1G21380.1	S1(Phospho)	3471.62802	S(1): 99.9; T(8): 0.0; Y(12): 0.0;	0	0.00003838	High	High	High	High			High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	8	426	6	78	7	72	4	17	3	15	4	35	6	48	6	63	3	24	3	20	4	54
VRSEVSSIVSEVPDYLFGLDNFDETAPPHELR	29	AT4G05150.1	S3(Phospho)	3697.72702	S(3): 95.2; S(6): 2.4; S(7): 2.4; S	0	0.00005886	High	High	High	High	High	High	High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	8	391	7	44	8	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55

| | | |

| | | |

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sen	3	143	2	24	1	20					1	9	2	21	3	30	1	8	1	11	1	20
SHHHFHVGSAPSGVPLEK	16	AT1G29400.1	S9(Phospho)	2002.92752	S(1): 0.0; S(9): 100.0; S(12): 0.0	0	0.0003828	High				High	High	High		High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29400.1	MEI2-like protein 5	2	22	2	5							1	1	2	3	2	9			1	1	2	3
KDEPAEESDGDLGFGLFD	44	AT1G01100.3;AT4G00810.1	S8(Phospho)	2020.80144	S(8): 100.0	0	0.00148	High	High	High	High		High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein f	6	864	6	128	7	218	5	59	3	38	2	95	4	89	3	54	1	45	2	61	3	77
	AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein f	2	131	1	9	3	24	1	12	1	9	1	42	2	27	1	1	1	2	1	1	1	4
ERSEDPMETSSAEAGGGIR	33	AT5G65410.1	S3(Phospho)	2058.33404	S(3): 100.0; T(9): 0.0; S(10): 0.0	0	0.000002662	High	High			High	High	High			High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65410.1	homeobox protein 25	7	169	4	23	5	31			1	2	5	17	5	29	4	17	2	6	3	16	5	28
HRRPSSDSMSSSPPGSPAR	27	AT5G21170.1	S5(Phospho); S12(Phospho); S16	2235.84354	S(5): 98.0; S(6): 2.0; S(8): 0.0; S	0	0.0002139	High	High				High	High			High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G21170.1	5'-AMP-activated protein kina	2	30	2	8	1	6							1	3	1	4					1	9
TETGMDTNSPSRSHEFDLK	4	AT5G52310.1	S9(Phospho); S13(Phospho)	2311.89678	T(1): 0.0; T(3): 0.0; T(7): 0.1; S(	0	0.003805	High	High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
ASVNSPTASQMDELDDFSIGR	2	AT4G12770.2;AT4G12780.2	S5(Phospho)	2319.97612	S(2): 2.1; S(5): 95.5; T(7): 2.1; S	0	0.0001336	High																
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain supe	2	113	3	31	2	33			1	3			1	6	3	23	1	6	2	6	2	5
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain supe	1	86	3	32	1	20							1	2	2	24			2	7	1	1
KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSR	36	AT2G43160.3	S3(Phospho)	2391.05326	S(3): 100.0; S(12): 0.0; Y(13): 0.	0	6.722E-10	High	High	High	High	High	High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	7	127	4	18	3	7	3	39	3	24	2	2	1	11	2	19	1	1	1	4	2	2
LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	117	AT4G11740.1	S6(Phospho)	2468.04155	S(5): 7.9; S(6): 92.1; S(12): 0.0	0	7.467E-07	High	High	High	High	High	High	High			High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily prot	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
NSSPPSPLHPAASHSPPPPQPYR	33	AT4G38550.1	S6(Phospho)	2498.15146	S(2): 0.1; S(3): 0.1; S(6): 99.8; S	0	0.0004395	High				High	High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
RQQSGGVWGWLAGSPQEKDDDSP	44	AT3G05420.1	S22(Phospho)	2509.08286	S(4): 0.0; S(14): 0.0; S(22): 100.	0	5.212E-09	High	High			High	High			High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05420.1	acyl-CoA binding protein 4	9	330	5	48	6	74	1	6	1	13	5	30	8	45	6	44	4	16	4	20	6	34
TQQQASSPGEGLNSVAASFHVMSK	19	AT3G25690.3	S7(Phospho)	2541.15140	T(1): 0.0; S(6): 1.5; S(7): 98.5; S	0	0.0003783	High	High					High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25690.3	Hydroxyproline-rich glycoprot	6	36	2	13	4	15					1	1			1	4			1	2	1	1
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNR	19	AT4G38550.1	Y17(Phospho)	2616.04410	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.0; S	0	5.301E-07	High					High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
ELLSELKSEEGDGTPHSSASPFSR	38	AT5G41950.1	T14(Phospho)	2640.17942	S(4): 0.0; S(8): 1.1; T(14): 98.2;	0	0.0005671	High	High	High	High	High	High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	6	199	4	18	4	29	1	1	1	7	4	24	4	29	5	34	3	12	2	23	3	22
VEEKEESDEEDYGGDFGLFDEE	115	AT3G09200.1	S7(Phospho)	2646.97368	S(7): 100.0; Y(12): 0.0	0	0.0006731	High	High	High	High	High	High	High			High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09200.1	Ribosomal protein L10 family	3	446	2	36	3	45	3	63	3	50	5	35	4	51	3	42	2	25	2	27	6	72
ISTPELPPPVFIKPESPEPVSTPK	85	AT4G05150.1	S2(Phospho)	2666.37027	S(2): 84.5; T(3): 15.5; S(16): 0.0	0	0.0005118	High	High	Medium	High		High	High		High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	8	391	7	44	8	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55
TPGVPGDETTEKLPDESGVEPTENSPK	3	AT1G30470.3	S25(Phospho)	2890.28647	T(1): 0.0; T(9): 0.0; T(10): 0.0; S	0	0.000616	High						High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30470.3	SIT4 phosphatase-associated	5	224	3	18	1	19	2	5	3	11	2	21	4	38	4	45	2	11	4	26	4	30
TRDSDEEDRDYDVAALANNLSQAFR	141	AT1G07990.1	S4(Phospho)	2951.27433	T(1): 50.0; S(4): 50.0; Y(11): 0.0	0	6.004E-09	High	High	High	High	High	High	High			High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07990.1	SIT4 phosphatase-associated	2	197	2	16	2	28	1	19	1	22	2	28	2	20	2	17	1	4	2	19	2	24
TSEEGSQSPEQVKDLGSASPPVARPVR	29	AT4G13350.1	S8(Phospho); S19(Phospho)	2968.35459	T(1): 12.2; S(2): 12.2; S(6): 12.2	0	0.0009909	High	High			High	High		High		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)	5	235	5	58	4	39					3	12	4	45	3	13	3	11	3	34	4	23
EKPSSPPTFDDGPTSPPASLHEPEPSAK	2	AT4G29440.2	T8(Phospho); T14(Phospho)	3062.30106	S(4): 49.9; S(5): 49.9; T(8): 3.4;	0	0.002977	High						High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G29440.2	Regulator of Vps4 activity in t	5	215	2	32	1	38	2	25	1	21	1	14	1	22	4	43	1	9			1	11
FSEQNIGAPPSYEEAVSDSRSPVYSER	10	AT2G43160.3	S19(Phospho)	3081.33725	S(2): 0.0; S(11): 16.8; Y(12): 77.	0	0.02207	High		High	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	7	127	4	18	3	7	3	39	3	24	2	2	1	11	2	19	1	1	1	4	2	2
KSEIIGNQDKDFDSISSEDVDEAEAER	53	AT2G16070.2	S16(Phospho)	3106.33921	S(2): 0.0; S(14): 0.1; S(16): 86.9	0	0.00008705	High	High	High	High	High	High	High			High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16070.2	plastid division2	2	55	1	7	1	6	2	11	1	10	1	2	1	11	1	5					1	3
KLSELSDDEDFDEQKDIEYGEAYYK	24	AT3G48500.1	S6(Phospho)	3109.30222	S(3): 0.3; S(6): 99.7; Y(19): 0.0;	0	0.00001749	High		High	High	High	High	Medium		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G48500.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-	3	41	1	1			2	10	1	3	2	3	3	10	2	5	1	1	2	3	1	5
EVSTLSDPGSPRRDVPSPYGSTSSAPVMR	95	AT4G05150.1	S10(Phospho)	3112.43332	S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 0.0; S(	0	0.0003998	High	High	High		High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	8	391	7	44	8	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55
SAANDTEMDDDSGNEKAGDDLSQDEIGVR	59	AT5G09390.2	S12(Phospho)	3134.22947	S(1): 0.0; T(6): 0.0; S(12): 100.0	0	1.48E-14	High	High			High	High	High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G09390.2	CD2-binding protein-related	2	74	1	2	1	5					2	14	2	23	1	4			1	11	2	15
KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSRSPVYSER	15	AT2G43160.3	S22(Phospho)	3209.46018	S(3): 0.0; S(12): 0.0; Y(13): 0.0;	0	0.002706	High	High	Medium	High	High						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	7	127	4	18	3	7	3	39	3	24	2	2	1	11	2	19	1	1	1	4	2	2
RKGDGDDEESEDESAENVVNVEDFLVQK	48	AT2G20790.3	S10(Phospho)	3232.37290	S(10): 100.0; S(14): 0.0	0	6.271E-09	High	High	High	High	High	High	High			High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes m	8	264	3	14	4	19	3	30	3	35	3	30	6	41	3	40	3	9	5	21	6	25
TRDSDDDEVHDRDYDLAGLANNLNQFR	85	AT3G45190.1	S4(Phospho)	3244.38828	T(1): 0.5; S(4): 99.5; Y(14): 0.0	0	0.00001738	High	High	High	High	High	High	High		High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated	9	185	3	10	2	6	3	26	3	39	3	13	5	16	4	23	1	11	5	18	4	23
HQHSQSMDGSMNINEMLMSGNEDDSAIDAK	10	AT2G31370.5	S6(Phospho)	3372.32883	S(4): 12.7; S(6): 74.7; S(10): 12.	0	8.856E-09	High	High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G31370.5	Basic-leucine zipper (bZIP) tr	3	190	3	45	3	41					1	12	2	21	2	33	2	10	1	11	2	17
TLTEGDNDSVMEASSPNEDKVEAVYPTGIPDYMR	14	AT5G13970.1	S15(Phospho)	3810.62290	T(1): 0.0; T(3): 0.0; S(9): 0.1; S(	0	0.0004596	High	High					High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13970.1	unknown protein; FUNCTION	6	78	5	13	4	8					2	4	5	30	4	10	3	3	1	1	2	9
TLSKYEEMNKPSAPLTSHEPAMIPVAEEPDDSPIHGR	3	AT5G16880.1	S32(Phospho)	4153.92713	T(1): 0.0; S(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(	0	0.002722	High					High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	9	387	8	62	6	76	1	2	1	3	5	46	7	62	5	42	3	14	4	34	4	46
LEEQKIDLDKPEVEDDDDNDEDDSEDDDEAEGHDGEAGGR	26	AT5G13850.1	S24(Phospho)	4539.73354	S(24): 100.0	0	1.583E-08	High	High		High		High				High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13850.1	nascent polypeptide-associate	1	26	1	4	1	6			1	4			1	6							1	6
SKSFGNLMEAASK	9	AT2G24550.1	S3(Phospho)	1449.64141	S(1): 0.0; S(3): 100.0; S(12): 0.0	0	0.0003784	High				High		High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G24550.1	unknown protein; BEST Arabi	1	9	1	4							1	2			1	3						
SRSFGDVNEIGAR	9	AT4G32285.1	S3(Phospho)	1487.65935	S(1): 0.5; S(3): 99.5	0	0.003012	Medium				High		Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily	3	31	2	4	1	3					2	13			2	6			1	5		
QNSSFSSYGDLTPQR	3	AT1G34220.1	S3(Phospho)	1766.73369	S(3): 98.5; S(4): 1.3; S(6): 0.2; S	0	0.0005041	High						High				0						

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
GLAYDTSDDQQDITR	44	AT2G39730.1	T6(Phospho)	1777.72759	Y(4): 0.0; T(6): 92.6; S(7): 7.4; T	0	0.0001756	High	High			High	High	High		High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39730.1	rubisco activase	22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357
RLVDKHAETDDELLEK	9	AT3G18240.1	T9(Phospho)	1990.94181	T(9): 100.0	0	0.0003872	High	High					High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18240.1	Ribosomal protein S24/S35, r	5	54	5	15	4	15							3	9	5	13	1	2				
HSHHHSSSTPSAATPTPTAGAR	9	AT4G27320.1	T16(Phospho)	2274.99808	S(2): 0.0; S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(	0	0.001251	Medium	Medium								High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27320.1	Adenine nucleotide alpha hyd	2	51	2	18	2	20							1	5	1	1	1	1			2	6
VDHHPGEGHWFAAGLSPHVSGR	2	AT5G35980.2	S16(Phospho)	2430.08510	S(16): 98.7; S(20): 1.3	0	0.002145	High					High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35980.2	yeast YAK1-related gene 1	3	4	1	1									2	2			1	1				
KISDGDLQDVLMAAQAAADSAER	53	AT1G34220.1	S3(Phospho)	2455.11479	S(3): 100.0; S(20): 0.0	0	8.331E-15	High	High			High	High	High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
GGFHGGGGSGDDMMDDLDEMIFGK	3	AT5G16880.1	S9(Phospho)	2524.94658	S(9): 100.0	0	1.016E-09	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	9	387	8	62	6	76	1	2	1	3	5	46	7	62	5	42	3	14	4	34	4	46
GGFHGGGGSGDDMMDDLDEMIFGKK	61	AT5G16880.1	S9(Phospho)	2653.04184	S(9): 100.0	0	6.518E-12	High	High			High	High	High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	9	387	8	62	6	76	1	2	1	3	5	46	7	62	5	42	3	14	4	34	4	46
SFDLPDELLQVLPSDPFEQLDVAR	7	AT4G15545.1	S1(Phospho)	2823.35941	S(1): 100.0; S(14): 0.0	0	0.001327	High	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabi	6	91	5	31	4	30							2	4	1	2			1	1	3	23
INELEQSINDLRAEMGVEGTPPPASK	61	AT4G15802.1	T20(Phospho)	2875.35202	S(7): 0.0; T(20): 100.0; S(25): 0.	0	2.593E-08	High	High			High	High	High	High	High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15802.1	heat shock factor binding pro	2	104	2	19	2	20					1	9	2	18	1	23	1	5	1	3	1	7
IHGHGDSSSLSDSDDDKKSTSSSSSSFK	28	AT5G41600.1	S11(Phospho); S13(Phospho)	3045.19350	S(7): 0.8; S(8): 0.8; S(9): 3.8; S(	0	0.006381	Medium	High			High	High			High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41600.1	VIRB2-interacting protein 3	1	30	1	4	1	4					1	2	1	6	1	2			1	11	1	1
ASPTSADIKTILGSVGAETEDSQIELLLK	8	AT2G27710.4	S2(Phospho)	3066.55240	S(2): 16.9; T(4): 4.8; S(5): 4.8; T	0	0.0008031	High	High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27710.4	60S acidic ribosomal protein I	1	191	2	47	2	57			1	2	1	19	1	28	1	9			1	11	1	18
VEPANTVGLPVNPTPLLKDELDIVIPTIR	22	AT5G15650.1	T6(Phospho)	3203.73037	T(6): 93.6; T(14): 6.4; T(27): 0.0	0	0.001047	High	High			High				High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G15650.1	reversibly glycosylated polype	8	153	7	15	5	20	4	13	3	10	8	27	3	9	5	23	2	13	4	10	4	13
TSDQRSNHGKEQIEDFYEQQDDVTPR	22	AT4G38550.1	S6(Phospho); T24(Phospho)	3269.29384	T(1): 1.1; S(2): 1.1; S(6): 97.7; Y	0	0.001655	Medium		Medium	High			High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
NVEDLSNDFSNTFLLDEELDLEHRSPR	2	AT5G21160.1	S25(Phospho)	3284.48728	S(6): 0.0; S(10): 0.0; T(12): 0.0;	0	0.001761	High		High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G21160.1	LA RNA-binding protein	1	2	1	1			1	1														
EAPVNDDDEMDIDDVIPAPQSPLSMFNAAR	76	AT4G11740.1	S21(Phospho)	3352.43332	S(21): 99.6; S(24): 0.4	0	0.0001392	High	High			High	High	High		High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily prot	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
KPEILSPSILDFPSLVLSPVTPLIPDPFDR	4	AT1G28280.1	S8(Phospho)	3382.79587	S(6): 49.9; S(8): 49.9; S(14): 0.1	0	0.0002176	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6	178	4	51			1	8			3	27	1	2	5	59			3	31		
HDAIASGSPLPVQASGSPLSVQASKPADSSPKSSEAK	3	AT2G38410.1	S20(Phospho)	3668.77114	S(6): 0.0; S(8): 0.0; S(15): 0.3; S	0	0.00002366	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protei	3	213	3	53	2	53	1	12	2	13	1	14	2	25	2	30	2	5			1	8
ASTADFLLDDQTDEDFFDKLVDDSYTPTASSSAK	15	AT5G47480.1	T3(Phospho)	3795.62583	S(2): 50.0; T(3): 50.0; T(12): 0.0	0	0.000007481	Medium					High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47480.1	RGPR-related	4	40	3	11	2	12							1	4	3	13						
VNEFIAGVGTDAPDVEEENVFSRPSVGYDDMWAK	15	AT2G07360.1	S25(Phospho)	3823.68784	T(10): 0.0; S(22): 18.1; S(25): 8	0	0.000003207	High					High			High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing prote	5	194	3	18	1	15	1	10	1	7	1	7	3	25	1	19	1	17	4	37	3	39
SDIQSPNFQQEAEFR	6	AT1G08680.3	S5(Phospho)	1875.77898	S(1): 0.0; S(5): 100.0	0	0.0001485	High	High					High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08680.3	ARF GAP-like zinc finger-cont	1	6	1	3	2										1	1						
FDWDHPLHLQPMSPTTVK	10	AT3G29360.1;AT5G15490.1	S13(Phospho)	2229.01535	S(13): 99.3; T(15): 0.7; T(16): 0.	0	0.00001999	High	High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenas	3	38	1	2	1	8					3	11			3	8	2	3	2	2	2	4
	AT5G15490.1	UDP-glucose 6-dehydrogenas	2	31	1	2	1	8					1	1			1	4	2	3	3	7	3	6
DGRRSPDYQDYQDVITQSR	26	AT5G53440.1	S5(Phospho)	2307.99808	S(5): 100.0; Y(8): 0.0; Y(11): 0.0	0	0.000006027	High	High			High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53440.1	unknown protein; FUNCTION	5	94	3	26	3	26					2	3	4	14	3	12	2	7	1	2	3	4
GNDNWDAFQNLLKDNDSEPEELLR	15	AT4G27430.1	S18(Phospho)	3025.36155	S(18): 100.0	0	0.000005278	High	High			High	High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	3	67	2	13	2	10					2	2	2	18	2	8	1	2	1	5	1	9
FPGESGVVFPVGFGDESGAELEKDFPTR	2	AT5G52310.1	S17(Phospho)	3050.37357	S(5): 0.0; S(17): 100.0; T(27): 0.	0	0.002833	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
HDAIASGSPLPVQASGSPLSVQASKPADSSPK	10	AT2G38410.1	S24(Phospho); S29(Phospho)	3246.50681	S(6): 0.0; S(8): 0.0; S(15): 0.1; S	0	1.792E-07	High	High	High	High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38410.1	ENTH/VHS/GAT family protei	3	213	3	53	2	53	1	12	2	13	1	14	2	25	2	30	2	5			1	8
HDSSSSYKSDADDDVDFSETTSNPTWLEK	8	AT5G56360.1	S9(Phospho)	3343.33481	S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(5): 0.0; S(	0	0.00004686	High		High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56360.1	calmodulin-binding protein	7	174	6	25	3	37	1	6			2	9	3	15	3	26	3	9	3	12	3	35
IATPQAHETEELEESFDFGNQVIEQISHK	14	AT1G17980.2	T3(Phospho)	3406.55600	T(3): 99.5; T(9): 0.5; S(15): 0.0;	0	0.0003272	High		High	High		High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17980.2	poly(A) polymerase 1	1	14	1	1			1	5	1	4			1	4								
KDNADMTSDLTGTIESADSAIPNSPTEDAAPGNIQDLK	10	AT3G54760.2	S24(Phospho)	3982.78672	T(7): 0.0; S(8): 0.0; T(11): 0.0; T	0	0.0001887	High	High				High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-re	10	238	5	38	6	52	3	7	2	10	2	7	5	32	5	32	2	4	4	21	5	35
ETHHESLNTPVSLLSGTEDVTSTFAPSGDDEYLDGQR	11	AT5G52310.1	S27(Phospho)	4084.78798	T(2): 0.0; S(6): 0.0; T(9): 0.0; S(	0	0.001899	High	High	High	High	High	High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
RPQTPETRPR	9	AT2G20960.1	T4(Phospho)	1317.64222	T(4): 98.9; T(7): 1.1	0	0.003469	High	Medium							High	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
FSYNSYPDSTDSSPR	8	AT5G64430.1	S13(Phospho)	1802.68193	S(2): 0.0; Y(3): 0.0; S(5): 0.0; Y(	0	0.00009967	High	High				High	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G64430.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	3	73	3	13	2	16					1	8	2	9	2	12	1	3	1	6	1	6
LVDKHAETDDELLEK	4	AT3G18240.1	T8(Phospho)	1834.84575	T(8): 100.0	0	0.00003265	Medium					High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18240.1	Ribosomal protein S24/S35, r	5	54	5	15	4	15							3	9	5	13	1	2				
SGESVDDESENYLSDLGK	6	AT1G42550.1	S4(Phospho)	2023.80132	S(1): 1.0; S(4): 99.0; S(9): 0.0; Y	0	3.631E-09	High					High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	8	118	5	18	2	9	1	4	1	7	1	5	5	17	4	20	1	3	3	16	4	19
RKPISDEVNDSDEEYKK	11	AT3G12480.1	S11(Phospho)	2131.94840	S(5): 0.0; S(11): 100.0; Y(15): 0.	0	0.000399	High					High	High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-co	6	181	2	35	3	33	1	3	1	8	3	18	3	39	2	29	2	15			1	1
YGGDAGDRSPTHYPQAEEGEDEDEVNNLFK	4	AT1G32130.2	S9(Phospho)	3419.39829	Y(1): 0.0; S(9): 49.3; T(11): 49.3	0	0.00003757		High		High		High				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G32130.2	Transcription elongation factc	1	4			1	1			1	2			1	1								
LKQTPEEEQQLVIK	5	AT3G56860.3	T4(Phospho)	1762.89971	T(4): 100.0	0	0.000039		High				High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G56860.3	UBP1-associated protein 2A	2	8	1	1	2	3							1	1	1	3						
IADVSDSDTSQKELQK	12	AT5G53440.1	S5(Phospho)	1843.82195	S(5): 99.1; S(7): 0.9; T(9): 0.0; S	0	0.00009307		High				High	High			Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53440.1	unknown protein; FUNCTION	5	94	3	26	3	26					2	3	4	14	3	12	2	7	1	2	3	4
IKEVTIVQDSAGQIGESQTKPTSPGVLVTNKDDAER	2	AT2G45460.2	T22(Phospho)	3890.92666	T(5): 0.0; S(10): 0.0; S(17): 0.0;	0	0.003951		High								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45460.2	SMAD/FHA domain-containing	1	2			1	2																
VVILSSGEDSAIIAIHSGGK	5	AT5G60060.1	S5(Phospho); S10(Phospho)	2113.00493	S(5): 55.1; S(6): 55.1; S(10): 89.	0	0.003725		High				High				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G60060.1	Protein of unknown function (	1	3											1	3								
GNSVPATAPTPIPLVSINHDDDDDESDDDFLQLAHR	43	AT1G21380.1	S26(Phospho)	3966.75473	S(3): 0.0; T(7): 0.0; T(10): 0.0; S	0	0.0001712		High	High	High	High	High				High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	8	426	6	78	7	72	4	17	3	15	4	35	6	48	6	63	3	24	3	20	4	54
SHDFDMKTETGMDTNSPSRSHEFDLK	103	AT5G52310.1	S16(Phospho)	3092.27195	S(1): 0.0; T(8): 0.0; T(10): 0.0; T	0	0.0004736		Medium		High	High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
MSTVGELACSYAVMILEDEGIAITADKIATLVK	4	AT1G01100.3	C9(Carbamidomethyl); S10(Phosp	3592.77207	S(2): 47.3; T(3): 47.3; S(10): 2.7	0	0.00001292		High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01100.3	60S acidic ribosomal protein f	6	864	6	128	7	218	5	59	3	38	2	95	4	89	3	54	1	45	2	61	3	77
KEESEEEEGDFGFDLFG	22	AT5G57290.3;AT4G25890.1	S4(Phospho)	2043.76836	S(4): 100.0	0	0.01146		High	High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57290.3	60S acidic ribosomal protein f	1	344	2	58	2	55	2	68	3	53	2	24	2	37	2	27	1	6	1	6	2	10
	AT4G25890.1	60S acidic ribosomal protein f	1	332	2	57	2	51	2	68	2	52	2	23	2	37	2	20	1	6	1	7	2	11
SFSVDSDFFDDLGVTEEK	40	AT1G43700.1	S3(Phospho)	2116.86333	S(1): 8.9; S(3): 91.0; S(6): 0.1; T	0	0.000001238		High	High			High				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43700.1	VIRE2-interacting protein 1	2	45					1	22	1	16			1	2					1	5		
KEESDEEDYEGGFGLFDEE	15	AT3G11250.1	S4(Phospho)	2303.83452	S(4): 100.0; Y(9): 0.0	0	0.000005265		High	High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family	2	340	1	27	2	40	3	38	3	28	2	30	2	18	2	40	2	25	2	27	5	67
RTSVFDDPTQEIQELTVVIK	15	AT3G24350.1	T2(Phospho); T16(Phospho)	2478.15737	T(2): 49.2; S(3): 49.2; T(9): 1.6;	0	0.03302		High	Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G24350.1	syntaxin of plants 32	1	14					1	14														
VISKDSEIEETEEFDTESPLPK	71	AT5G55210.1	S18(Phospho)	2602.17057	S(3): 0.0; S(6): 0.0; T(11): 0.0; T	0	0.0001392		High	High	High	High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTION	3	107					2	10	2	11	2	9	1	12	1	9	1	3	2	21	2	32
VEEKKEESDEEDYEGGFGLFDEE	25	AT3G11250.1	S8(Phospho)	2789.08037	S(8): 100.0; Y(13): 0.0	0	0.000523		High	High							High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G11250.1	Ribosomal protein L10 family	2	340	1	27	2	40	3	38	3	28	2	30	2	18	2	40	2	25	2	27	5	67
AAIENGSEEGLGDSAEVEEAPIEFPR	9	AT4G08920.1	S7(Phospho)	2796.20854	S(7): 100.0; S(14): 0.0	0	0.000001033		High	High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G08920.1	cryptochrome 1	6	34					2	6	1	4	2	4	3	11			1	4	1	2	2	3
KGDGDDEESEDESAENVVNVEDFLVQK	29	AT2G20790.3	S9(Phospho)	3076.27658	S(9): 98.5; S(13): 1.5	0	1.592E-08		High	High			High			High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes m	8	264	3	14	4	19	3	30	3	35	3	30	6	41	3	40	3	9	5	21	6	25
LSELSDDEDFDEQKDIEYGEAYYKK	2	AT3G48500.1	S5(Phospho)	3109.31284	S(2): 0.0; S(5): 100.0; Y(18): 0.0	0	0.01984		High				High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G48500.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-	3	41	1	1			2	10	1	3	2	3	3	10	2	5	1	1	2	3	1	5
NVEGSNEDEEEEIEEDGEEISEVDHAK	9	AT4G18905.1	S5(Phospho)	3140.22544	S(5): 100.0; S(21): 0.0	0	0.00003635		High	High				High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G18905.1	Transducin/WD40 repeat-like	1	9					1	5	1	3					1	1						
FVEENYPLPEQPEPLSEDDSVKELQR	2	AT1G79350.1	S16(Phospho)	3167.43491	Y(6): 0.0; S(16): 100.0; S(20): 0.	0	0.003825		High	High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79350.1	RING/FYVE/PHD zinc finger s	1	2					1	1	1	1												
TRDSDEEDRDYDVAALANNLNQAFNYR	40	AT2G28360.1	S4(Phospho)	3251.39511	T(1): 50.0; S(4): 50.0; Y(11): 0.0	0	8.393E-10		High	High			High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28360.1	SIT4 phosphatase-associated	3	42					1	4	1	13			2	24							1	1
SRDSDDDDYHDRDYDVAALANNLSQAFR	22	AT1G30470.3	S4(Phospho)	3324.37131	S(1): 0.8; S(4): 99.0; Y(9): 0.2; Y	0	0.000002702		High	High			High			High	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30470.3	SIT4 phosphatase-associated	5	224	3	18	1	19	2	5	3	11	2	21	4	38	4	45	2	11	4	26	4	30
DLPVQNLSELIQSHQSPNQVEETSFEFNK	5	AT5G40450.1	S16(Phospho)	3437.58396	S(8): 0.0; S(13): 15.3; S(16): 84.	0	0.00006613		High								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
AESVYIEKNEESVLLFPELILSPQERPPSR	4	AT2G20960.1	S22(Phospho)	3549.78989	S(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(12): 0.0; S	0	0.0001459		High		High		High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSREEESPALGAIR	41	AT3G43300.2	S10(Phospho)	3846.75966	S(1): 0.4; S(2): 0.4; T(7): 3.7; S(	0	0.002063			High	Medium	High	High	High	High	Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G43300.2	HOPM interactor 7	13	216	2	4	1	2	5	48	3	33	6	29	9	34	8	19	4	9	7	20	5	18
AEDDQEEPDFEVVDKGVEFDDDLETEKSDGTIGER	14	AT1G42550.1	S28(Phospho)	4037.68137	T(25): 0.2; S(28): 82.2; T(31): 17	0	0.006363			High		High		High			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	8	118	5	18	2	9	1	4	1	7	1	5	5	17	4	20	1	3	3	16	4	19
HGQSNEHEQDHDLVEEDDDDDELEPEVIDAPGVTGKPR	20	AT5G52310.1	S4(Phospho)	4345.83265	S(4): 100.0; T(34): 0.0	0	0.0005997		High	High			High				High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
YNMQENNGAGEEHGSNDRDEEDVYFDDESAEVISSLR	7	AT3G45190.1	S15(Phospho)	4399.80173	Y(1): 0.6; S(15): 10.3; Y(24): 88.	0	0.00375			High	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated	9	185	3	10	2	6	3	26	3	39	3	13	5	16	4	23	1	11	5	18	4	23
SLNQTDQYLAETIMVEK	10	AT1G70500.1	T5(Phospho)	2062.93618	S(1): 14.4; T(5): 85.6; Y(8): 0.0;	0	0.008706			High	High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G70500.1	Pectin lyase-like superfamily p	1	3					1	3														
GYTSDEELEELDSPLTSIVDK	5	AT2G42320.1	T3(Phospho)	2420.06108	Y(2): 33.3; T(3): 33.3; S(4): 33.3	0	0.01361			High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G42320.1	nucleolar protein gar2-relatec	3	44					2	13	1	30			1	1								
KGYTSDEELEELDSPLTSIVDK	38	AT2G42320.1	S5(Phospho)	2548.15299	Y(3): 33.3; T(4): 33.3; S(5): 33.3	0	0.000006651			High	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G42320.1	nucleolar protein gar2-relatec	3	44					2	13	1	30			1	1								
RDDSFQKVNDHPISTVESNLSAK	9	AT2G35050.1	S4(Phospho)	2667.24087	S(4): 100.0; S(14): 0.0; T(15): 0.	0	0.004983			High	High		High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35050.1	Protein kinase superfamily pr	8	211	3	27	4	39	1	5	1	2	2	12	6	27	5	23	3	18	5	26	4	32
KSNSDDNLNALLQEEEDLVNAHR	13	AT3G16060.1	S2(Phospho)	2704.21817	S(2): 50.0; S(4): 50.0	0	0.00002086			High	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G16060.1	ATP binding microtubule mot	2	43			1	1	2	15	2	16			1	9	1	1			1	1		
SSSPLKHHNQVSVQPITTNPTFLAK	25	AT1G76890.2	S2(Phospho)	2834.42568	S(1): 33.3; S(2): 33.3; S(3): 33.3	0	0.0008454			High	High		High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76890.2	Duplicated homeodomain-like	2	23							1	5	2	2	1	5	2	11						
NLGLGSDDEDDVEDDEGGGINGGDVKPVTGEER	7	AT3G18390.1	S6(Phospho)	3439.42710	S(6): 100.0; T(29): 0.0	0	6.058E-12			High	High		High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

| | | |

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32415.2	Polynucleotidyl transferase, ri	1	5							1	1					1	4						
SNGYGDDGYDFDGSDDEIATLK	2	AT1G70770.1	S14(Phospho)	2433.90801	S(1): 0.0; Y(4): 0.0; Y(9): 0.0; S(	0	7.458E-07				High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G70770.1	Protein of unknown function (	3	54	1	6	1	8			1	2	1	6	1	7	1	3			2	10	2	12
NNVEEPEVEIEISDSETDVEGHQGDKIEAQEK	1	AT1G20970.1	S12(Phospho)	3563.51511	S(12): 71.2; S(14): 21.8; T(16):	0	0.000479				High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G20970.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	2	2							1	1							1	1				
REDQEPGLQTPDLILSEVEDEKPKDVDLLPASER	4	AT5G14120.1	S16(Phospho)	3940.92275	T(10): 0.0; S(16): 100.0; S(32): (	0	0.000001624				High							2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14120.1	Major facilitator superfamily p	1	8					1	3	1	5												
YARSPPVVVSDVSEDKLR	4	AT5G47430.2	S4(Phospho)	2097.03769	Y(1): 50.0; S(4): 50.0; S(10): 0.0	0	2.462E-08				High			High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47430.2	DWNN domain, a CCHC-type	2	5							1	2					2	3						
THSYSLQFDHKPHHQIR	4	AT1G05630.2	S5(Phospho)	2211.01919	T(1): 0.4; S(3): 2.1; Y(4): 12.8; S	0	0.0002993				High			High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G05630.2	Endonuclease/exonuclease/pl	1	4							1	3					1	1						
VFEQQGIEAPSDDDDFIEVR	1	AT3G50370.1	S11(Phospho)	2389.00957	S(11): 100.0	0	0.002247				High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G50370.1	unknown protein; FUNCTION	2	3	1	1					1	1					1	1						
VVVGGSELTSSPKEIKNVEVEK	54	AT4G28080.1	S11(Phospho)	2408.23001	S(6): 0.0; T(9): 0.8; S(10): 49.6;	0	0.0003651				Medium	High	High	High	High	High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TP	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
LKPAAVKPPEVDSVKPPATPPRR	3	AT1G64500.1	S13(Phospho)	2530.38515	S(13): 99.8; T(19): 0.2	0	0.004364				High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	6	317	4	55	4	60	3	33	4	43	2	12	3	37	2	37	2	13	3	16	2	11
TRPGRESDSDAEDLEHAEKLR	27	AT3G01310.2	S7(Phospho); S9(Phospho)	2571.08695	T(1): 7.4; S(7): 96.3; S(9): 96.3	0	0.003754				Medium		High			Medium	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G01310.2	Phosphoglycerate mutase-like	2	70							1	1			2	15	1	9			1	19	2	26
SNHGKEQIEDFYEQDDDVTPR	14	AT4G38550.1	T19(Phospho)	2602.07297	S(1): 0.0; Y(12): 0.0; T(19): 100.	0	5.464E-07				High	High	High	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-lik	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
SSIQDDESNAEETDDQHLASDHATDITR	4	AT1G67140.1	S8(Phospho)	3180.28415	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(8): 100.0;	0	8.021E-08				High		High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G67140.1	HEAT repeat-containing prote	14	51	1	1	2	4	4	9	4	8	2	5	5	11	4	12	1	1				
SYKPPVPGRSDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	233	AT1G37130.1	S12(Phospho)	3501.78628	S(1): 4.0; Y(2): 4.0; S(10): 4.0; S	0	0.00004223				High	High	High	High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30	2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340
ELAAEFSDGSVKEDDDDDEDSSESGKSEMVNPSFA	4	AT2G38040.1	S7(Phospho)	3800.44114	S(7): 99.8; S(10): 0.2; S(21): 0.0	0	0.009308				High						Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38040.1	acetyl Co-enzyme a carboxyla	3	9			1	1			1	2			1	1			1	2			2	3
IGIWQYGDIESDDEDTGPAR	5	AT5G07350.1	S11(Phospho)	2316.95928	Y(6): 0.0; S(11): 99.8; T(16): 0.2	0	0.0000132				High		High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G07350.1	TUDOR-SN protein 1	1	5							1	1			1	4								
HNTADSAWIIVHGHIYDCTR	1	AT1G77760.1	S6(Phospho); C18(Carbamidomet	2446.08144	T(3): 50.0; S(6): 50.0; Y(16): 0.0	0	0.0005398				High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77760.1	nitrate reductase 1	3	6					1	2	3	4												
AVIEEHKDSKPSVAEAAAPLKTPENSPSAEDA	10	AT3G15970.1	T22(Phospho); S26(Phospho)	3448.55605	S(9): 0.0; S(12): 0.0; T(22): 98.9	0	0.003779				Medium		Medium			High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15970.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa)	1	11	1	1					1	1			1	1					1	1	1	7
KKTGGNTETETEEVPEASEEEIEAPVQEEKPQK	1	AT4G27500.1	S18(Phospho)	3750.70083	T(3): 0.0; T(7): 0.0; T(9): 0.0; T(	0	0.008968				High							2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27500.1	proton pump interactor 1	2	8					1	4	2	4												
FGNSPPRFSDASAR	20	AT1G20760.1	S4(Phospho)	1588.68767	S(4): 0.5; S(9): 14.3; S(12): 85.2	0	0.002066				Medium	Medium	High			High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand fam	6	160	3	24	3	34	1	4	1	1	2	11	4	14	4	38	3	8	2	11	2	15
SYKPPVPGRSDSPK	51	AT1G37130.1	S12(Phospho)	1594.76042	S(1): 0.0; Y(2): 0.0; S(10): 0.1; S	0	0.000152				High		High			High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30	2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340
SGSSNQSPNELAAEEK	16	AT1G28280.1	S7(Phospho)	1727.70940	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(	0	0.0001392				High		High			High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	6	178	4	51			1	8			3	27	1	2	5	59			3	31		
VNHDDSEEEKLPTR	20	AT2G19710.1	S6(Phospho)	1748.74729	S(6): 100.0; T(13): 0.0	0	0.004902				High	High	High	High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G19710.1	Regulator of Vps4 activity in t	2	25											2	5	2	6			2	9	2	5
KADSDEEAEFDVEGR	19	AT2G34357.1	S4(Phospho)	1776.69133	S(4): 100.0	0	1.015E-10				High	High	High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34357.1	ARM repeat superfamily prote	4	24	1	1	1	1					1	7	3	7	1	8						
NLSGKAETMSTNVERK	42	AT5G41950.1	S3(Phospho)	1844.85454	S(3): 100.0; T(8): 0.0; S(10): 0.0	0	0.001239				High	High	High	High	High	High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TP	6	199	4	18	4	29	1	1	1	7	4	24	4	29	5	34	3	12	2	23	3	22
SRSFGDVNEIGAREEK	18	AT4G32285.1	S3(Phospho)	1873.83872	S(1): 0.7; S(3): 99.3	0	0.0004678				High		High			High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily	3	31	2	4	1	3					2	13			2	6			1	5		
LGREESPETESNKIQK	30	AT1G62300.1	S6(Phospho)	1924.90006	S(6): 100.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0	0	0.0004224				High		High			High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G62300.1	WRKY family transcription fac	1	28									1	10			1	11			1	7		
ALLEGGSDDEGASTEAQGR	27	AT1G64790.1	S7(Phospho)	1942.79814	S(7): 100.0; S(13): 0.0; T(14): 0.	0	2.422E-14				High		High			High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64790.1	ILITYHIA	10	183	5	24	2	21	1	1			7	24	4	30	2	23	2	10	4	20	3	30
FSGSPVSTGTPKNVDSHR	19	AT2G26570.1	S4(Phospho); T10(Phospho)	2032.84623	S(2): 0.3; S(4): 97.4; S(7): 3.9; T	0	0.003415				High		High			High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown fun	6	92	1	10	1	19					1	2	2	6	4	17	1	6	2	10	5	22
DYEGGEYEHEGGGRSRER	21	AT3G50670.1	S15(Phospho)	2162.84580	Y(2): 0.0; Y(7): 0.0; S(15): 100.0	0	0.004339				High	High	High	Medium		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G50670.1	U1 small nuclear ribonucleopr	2	26									1	4	2	9	2	9	1	1			1	3
VDSSGDVCGATFKVDAETKR	11	AT5G43830.1	S3(Phospho); C8(Carbamidomet	2221.98117	S(3): 87.1; S(4): 12.8; T(11): 0.0	0	0.0008391				High		High			High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G43830.1	Aluminium induced protein w	4	94	2	11	2	31			2	16	2	6	1	7	1	7	1	7	1	5	3	11
RAPEEDEEDSGDEDDDRPPKR	53	AT1G47970.1	S10(Phospho)	2537.00356	S(10): 100.0	0	0.000159				High	High	High	Medium	High	High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G47970.1	unknown protein; FUNCTION	2	49									1	11	2	16					2	11	2	11
EKVISKDSEIEETEEFDTESPLPK	32	AT5G55210.1	S20(Phospho)	2859.31198	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.0; T	0	8.966E-09				High			High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTION	3	107					2	10	2	11	2	9	1	12	1	9	1	3	2	21	2	32
TGIWEYGDIQSDDEDNVPVRKPGRG	57	AT5G61780.1	S11(Phospho)	2881.78898	T(1): 0.0; Y(6): 0.0; S(11): 100.0	0	0.00004095				High	High	High	High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61780.1	TUDOR-SN protein 2	1	58	1	1							1	10	1	15	1	1			1	16	1	15
DLSMNKFDWDHPLHLQPMSPTTVK	12	AT3G29360.1	S19(Phospho)	2917.34658	S(3): 0.0; S(19): 99.6; T(21): 0.4	0	0.000782				High		High			High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenas	3	38	1	2	1	8					3	11			3	8	2	3	2	2	2	4
FHSMEKPQFDHQNSSGSNYDDLTPQR	12	AT1G34220.1	S17(Phospho)	3145.29555	S(3): 0.0; S(14): 0.1; S(15): 0.5;	0	0.00426				High	High	High	High		High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27

| | | |

| | | |

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06670.1	binding	2	5									1	1	2	3					1	1		
KAESISDLENK	2	AT3G19770.2	S4(Phospho)	1313.59819	S(4): 98.4; S(6): 1.6	0	0.001969						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19770.2	Vacuolar sorting protein 9 (VI	3	13											1	2	1	1			2	4	2	6
YLQSGSEDDDDTDTKR	17	AT3G56150.1	S4(Phospho); S6(Phospho)	2004.71262	Y(1): 0.0; S(4): 100.0; S(6): 100.	0	0.001097						High			High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G56150.1	eukaryotic translation initiatio	6	110	2	8	2	9					3	15	6	27	4	10			3	20	3	21
APEEDEEDSGDEDDDRPKR	5	AT1G47970.1	S9(Phospho)	2380.90134	S(9): 100.0	0	0.0001392						High			High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G47970.1	unknown protein; FUNCTION	2	49									1	11	2	16					2	11	2	11
KHHTFSFRPSSGNDQSEAGSAR	1	AT1G56220.1	S10(Phospho)	2483.07973	T(4): 44.5; S(6): 44.5; S(10): 10.	0	0.00328						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated fa	3	11	1	3	2	2							2	3	1	3						
YRPEPSETGSPERK	11	AT4G28610.1	S10(Phospho)	1712.76157	Y(1): 0.0; S(6): 0.0; T(8): 0.0; S(	0	0.002252						Medium			High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28610.1	phosphate starvation respons	1	8																			1	8
MALMALIAGDLTGVDR	1	AT1G26160.1	T12(Phospho)	1726.82975	T(12): 100.0	0	0.00456						High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26160.1	Metal-dependent phosphohyc	1	1											1	1								
SAVMDEPETNKSPPKEK	2	AT3G13225.1	T9(Phospho)	1966.88175	S(1): 0.0; T(9): 97.5; S(12): 2.5	0	0.006027						High	High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13225.1	WW domain-containing prote	1	1											1	1								
AADEAGQKDKDGDTASASQETVAR	40	AT4G38630.1	S16(Phospho)	2501.07566	T(14): 0.0; S(16): 50.0; S(18): 5(	0	0.00000133						High	High		High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38630.1	regulatory particle non-ATPas	2	139	1	15	1	18			1	3	1	8	2	9	2	22	1	8	2	25	2	31
SHDFDMKTETGMDTNSPSR	7	AT5G52310.1	S18(Phospho)	2235.86699	S(1): 0.0; T(8): 0.0; T(10): 0.0; T	0	0.0000151						High	High	High		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
KTSEEGSQSPEQVKDLGSASPPVARPVR	2	AT4G13350.1	S9(Phospho)	3016.46474	T(2): 3.8; S(3): 9.1; S(7): 23.2; S	0	0.0003695						High		High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)	5	235	5	58	4	39					3	12	4	45	3	13	3	11	3	34	4	23
RISGNHGSPTASVAQSPR	7	AT4G35890.1	S16(Phospho)	1901.89652	S(3): 0.0; S(8): 0.0; T(10): 0.0; S	0	0.000004435							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding tra	2	8							1	1					1	7						
QGDAEKDSDVFSEGHEFPSK	7	AT3G56410.1	S12(Phospho)	2288.93406	S(8): 0.0; S(12): 100.0; S(19): 0.	0	0.004665							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G56410.1	Protein of unknown function (	2	10					1	1					1	1	2	8						
STPGSPAHPPGARSPPPSYLSNKR	4	AT4G38550.1	S14(Phospho)	2538.22062	S(1): 0.0; T(2): 0.0; S(5): 0.0; S(	0	0.001877							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
SSKPNPFSDDDESDNKHTLNPSK	4	AT5G61210.1	S9(Phospho)	2639.12343	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(9): 99.9; S	0	0.004706							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61210.1	soluble N-ethylmaleimide-sen	3	143	2	24	1	20					1	9	2	21	3	30	1	8	1	11	1	20
KPNPSETEPEDSKPEPSEDEPSSSS	23	AT2G25070.1	S24(Phospho)	2766.11075	S(5): 0.0; T(7): 0.0; S(12): 0.0; S	0	0.00004469							High			High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G25070.1	Protein phosphatase 2C famil	1	23													1	11					1	12
IHGHGDSSSLSDSDDDKKSTSSSSSSFK	2	AT5G41600.1	S11(Phospho)	2965.22671	S(7): 1.0; S(8): 4.1; S(9): 4.1; S(	0	0.001024							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41600.1	VIRB2-interacting protein 3	1	30	1	4	1	4					1	2	1	6	1	2			1	11	1	1
SAQMAEDSDTCLLNKSPTANDSNGSESVIGVK	8	AT4G28080.1	C11(Carbamidomethyl); S16(Pho	3405.47458	S(1): 0.0; S(8): 0.0; T(10): 0.0; S	0	0.0001392							High		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TP9	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
IPNGSSSSEGEISPRSPPVPSLFGKDVEFVGVEPEGTER	37	AT3G45190.1	S7(Phospho)	4149.99184	S(5): 6.9; S(6): 29.9; S(7): 29.9;	0	0.00001238							High	High	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated	9	185	3	10	2	6	3	26	3	39	3	13	5	16	4	23	1	11	5	18	4	23
SGSGTSLNGDLPQSVSR	1	AT5G47480.1	T5(Phospho)	1741.77495	S(1): 72.4; S(3): 12.6; T(5): 12.6	0	0.0003872							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47480.1	RGPR-related	4	40	3	11	2	12							1	4	3	13						
RPESGLGSGYGGRSFESEYER	4	AT5G39570.1	S14(Phospho)	2252.95383	S(4): 1.1; S(8): 0.1; Y(10): 0.0; S	0	0.0005507							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10	68	1	3	1	3					1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15
QRVDKSEEEEEEEGEEENDGK	2	AT3G06010.1	S6(Phospho)	2444.95548	S(6): 100.0	0	0.0003872							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06010.1	Homeotic gene regulator	2	8	1	2											2	6						
SHLRPPGNISGSQSPVESSGLYHSK	1	AT4G12770.2	S12(Phospho)	2701.26748	S(1): 0.1; S(10): 0.4; S(12): 5.1;	0	0.0004265							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain supe	2	113	3	31	2	33			1	3			1	6	3	23	1	6	2	6	2	5
IHHHDSSSSSESEYEKPDSPSAVK	2	AT2G46170.2	S19(Phospho)	2720.13857	S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(8): 0.0; S(	0	0.0005441							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46170.2	Reticulon family protein	1	2													1	2						
SHLRPPGNISGSQSPPVESPGSYHSK	2	AT4G12780.2	S25(Phospho)	2782.29799	S(1): 0.0; S(10): 6.1; S(12): 6.1;	0	0.001491							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain supe	1	86	3	32	1	20							1	2	2	24			2	7	1	1
NRPSSPFHPSQSRSPPPHAR	7	AT2G20950.1	S5(Phospho); S12(Phospho)	2399.05410	S(4): 14.4; S(5): 73.5; S(10): 25.	0	0.003014							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like	5	88	3	23	1	20					1	1	2	10	3	17	1	2	2	10	1	5
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	16	AT1G43690.1	S16(Phospho); S20(Phospho)	2636.07437	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0;	0	1.089E-09							High	High	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co	11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76
REGDNSSSRPAEDEDVGSKQPVTEASE	8	AT3G19770.2	S26(Phospho)	2956.24088	S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(8): 0.0; S(	0	3.833E-07							High		High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19770.2	Vacuolar sorting protein 9 (VI	3	13											1	2	1	1			2	4	2	6
YSLDNNPSSVLSPR	2	AT4G00752.1	S12(Phospho)	1628.73161	Y(1): 0.0; S(2): 0.0; S(8): 0.0; S(	0	0.0003073							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00752.1	UBX domain-containing prote	2	18	1	14	1	2									1	2						
IITDYVGSPATDPMR	1	AT3G49590.2	S8(Phospho)	1715.77031	T(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(8): 99.9; T	0	0.000005168							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G49590.2	Autophagy-related protein 13	3	3							1	1			1	1	1	1						
SGSGDDEEGSYGRK	10	AT5G39570.1	S1(Phospho)	1523.56377	S(1): 12.3; S(3): 87.7; S(10): 0.0	0	0.002085							High		High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10	68	1	3	1	3					1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15
YKRSPSVAPSDAGDEHFR	3	AT4G17410.1	S6(Phospho)	2098.93276	Y(1): 12.4; S(4): 12.4; S(6): 75.1	0	0.0005935							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17410.1	DWNN domain, a CCHC-type	1	3													1	3						
AAESSYGEEAASDHQYGEVNHER	2	AT5G55670.2	S5(Phospho)	2616.02469	S(4): 9.5; S(5): 81.0; Y(6): 9.5; S	0	0.0003872							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55670.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	1	13									1	1	1	6	1	3			1	3		
YFFPSDTEDQGDDSKTQEESDAETPTGLK	1	AT4G29440.2	S5(Phospho)	3317.37082	Y(1): 0.1; S(5): 48.9; T(7): 48.9;	0	0.0003872							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G29440.2	Regulator of Vps4 activity in t	5	215	2	32	1	38	2	25	1	21	1	14	1	22	4	43	1	9			1	11
EAEARVLALDIANTDLAAK	2	AT4G03830.1	T14(Phospho)	2064.03935	T(14): 100.0	0	0.002043								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G03830.1	Protein of unknown function,	1	2															1	2				

HGEPLKKSSGPQSGGVTR	13	AT1G78880.1	S8(Phospho)		1901.92051	S(8): 50.0; S(9): 50.0; S(13): 0.0	0	0.0005847									Medium	High	High	2									
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G78880.1	Ubiquitin-specific protease fa		1	13															1	2	1	5	1	6					
SGLLIDNGIVVSGFSISSK	2	AT5G50900.1	S17(Phospho)		1972.99857	S(1): 0.0; S(12): 0.3; S(15): 3.9;	0	0.00114								High			0										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G50900.1	ARM repeat superfamily prote		1	2															1	2									
SGSGDDEEGSYGR	7	AT5G39570.1	S3(Phospho)		1395.46770	S(1): 0.0; S(3): 100.0; S(10): 0.0	0	0.000005158										High	High	0										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10		68	1	3	3						1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15					
TIFAKSDDEEEEGDTKK	1	AT2G20330.1	S6(Phospho)		2021.85752	T(1): 0.0; S(6): 100.0; T(15): 0.0	0	0.001229										High		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G20330.1	Transducin/WD40 repeat-like		1	1																	1	1							
SGRTSEPNSEDEAAGVGKR	42	AT2G27100.1	S5(Phospho); S9(Phospho)		2106.84665	S(1): 0.0; T(4): 10.0; S(5): 90.0;	0	0.003327										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G27100.1	C2H2 zinc-finger protein SER		1	42																	1	16	1	26					
VISETDSSSSPVSTKPQAEAK	27	AT5G58220.3	S9(Phospho)		2228.03226	S(3): 0.0; T(5): 0.0; S(7): 0.5; S(	0	0.00006262										High	High	0										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G58220.3	transthyretin-like protein		2	28		1	1														1	15	1	12					
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	27	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)		2479.97000	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S	0	0.00001948										High	High	0										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
TRPGRESDSDAEDLEHAEKLR	21	AT3G01310.2	S7(Phospho)		2491.11660	T(1): 11.4; S(7): 87.0; S(9): 1.6	0	0.0003219										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT3G01310.2	Phosphoglycerate mutase-like		2	70							1	1			2	15	1	9			1	19	2	26					
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	7	AT1G43690.1	S20(Phospho)		2556.10764	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0;	0	0.000001168										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
LSKEQGDDDSSPNSPNDRTESSHLQK	10	AT3G58640.1	S11(Phospho); S14(Phospho)		3031.22890	S(2): 0.0; S(10): 82.6; S(11): 20.	0	0.0008437										High	Medium	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT3G58640.1	Mitogen activated protein kin		1	9																	1	9							
MVEFEKTAESSSDKEEDSNEEDDSNTTS	24	AT5G08540.1	S10(Phospho)		3220.21213	T(7): 12.0; S(10): 63.9; S(11): 1.	0	0.000388										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G08540.1	unknown protein; FUNCTION		3	130	1	12	1	13	1	8	1	6	2	20	2	10	2	18	2	10	2	21	2	12					
GGDVESGKSEHADSDSDTFYIPSKNASIER	11	AT5G57110.1	S14(Phospho)		3278.41225	S(6): 0.0; S(9): 0.0; S(14): 97.2;	0	0.002711										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G57110.1	autoinhibited Ca2+ -ATPase,		3	131	2	24	2	36					1	5	2	28	2	6			3	23	3	9					
SHSVSGDLHGVQPDPIAADILRKEPEQETFVR	4	AT2G38280.1	S3(Phospho)		3607.73389	S(1): 3.6; S(3): 16.6; S(5): 79.8;	0	0.002962										High		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / m		10	133	5	27	4	27	3	19	2	9	1	1	2	17	1	14	3	6	4	11	2	2					
SGGSKYQSTYEGYGSPIREEPPPPYSYSEPQSR	38	AT2G07360.1	S15(Phospho)		3760.65273	S(1): 0.0; S(4): 0.0; Y(6): 0.0; S(	0	8.28E-07										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing prote		5	194	3	18	1	15	1	10	1	7	1	7	3	25	1	19	1	17	4	37	3	39					
NRSGSGDDEEGSYGRK	10	AT5G39570.1	S3(Phospho)		1793.70609	S(3): 50.0; S(5): 50.0; S(12): 0.0	0	0.0007139										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10		68	1	3	3						1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15					
SALPLKTPENSPTATDT	14	AT1G52380.1	T7(Phospho); S11(Phospho)		1902.81328	S(1): 0.0; T(7): 100.0; S(11): 49.	0	0.0002119										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa)		8	221	4	21	3	23	1	5	2	5	3	20	5	36	2	27	2	11	4	30	4	43					
TLSGNDKDQSGGEEETTSRR	12	AT5G51300.1	S10(Phospho)		2246.95310	T(1): 0.0; S(3): 0.1; S(10): 99.9;	0	0.002185										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G51300.1	splicing factor-related		5	27			1	1					2	8	1	1					2	6	3	11					
SKIIMDPEKSEDDDESSSSSSSSR	1	AT2G01470.1	S10(Phospho)		2683.09403	S(1): 0.0; S(10): 100.0; S(16): 0.	0	3.966E-07										High		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G01470.1	SEC12P-like 2 protein		2	2													1	1			1	1							
MKLPLDIDSPTQSENSSSSQQTPK	4	AT1G50570.1	T22(Phospho)		2698.22348	S(9): 0.0; T(11): 0.0; S(13): 0.0;	0	0.00001906										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G50570.1	Calcium-dependent lipid-bind		4	175	3	25	3	38					5	20	3	13	4	14	3	13	5	24	6	28					
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	18	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)		2723.10733	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.5; S	0	0.00002666										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
QWSGDSGTTNAAAVAPSSPARHHHAR	5	AT5G13260.1	S17(Phospho)		2749.23183	S(3): 0.0; S(6): 0.0; T(8): 0.0; T(	0	9.064E-07										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G13260.1	unknown protein; BEST Arabi		1	5																	1	3	1	2					
EGDNSSSRPAEDEDVGSKQPVTEASE	3	AT3G19770.2	S25(Phospho)		2800.13559	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(	0	0.0003001										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT3G19770.2	Vacuolar sorting protein 9 (VI		3	13											1	2	1	1			2	4	2	6					
MDISELRSGESVDDESENYLSDLGK	16	AT1G42550.1	S11(Phospho)		2868.22245	S(4): 0.0; S(8): 1.8; S(11): 98.1;	0	0.000001418										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	8		118	5	18	2	9	1	4	1	7	1	5	5	17	4	20	1	3	3	16	4	19					
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	16	AT1G43690.1	S16(Phospho); S20(Phospho)		2879.20839	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0;	0	0.0001392										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
HNVKAGENASAEE	6	AT3G06700.1	S10(Phospho)		1435.58354	S(10): 100.0	0	0.0008426										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT3G06700.1	Ribosomal L29e protein famil		2	10																	2	6	2	4					
QRSASDEEEDGTVQR	4	AT5G04420.1	S3(Phospho)		1786.72464	S(3): 90.6; S(5): 9.4; T(12): 0.0	0	0.0002775										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repe		4	11											1	1	1	2			3	4	3	4					
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	7	AT1G43690.1	S20(Phospho)		2799.23964	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0;	0	4.808E-10										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEASRR	4	AT1G43690.1	S24(Phospho)		2799.24697	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S	0	0.000389										High		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
MVLPKSPSPVNK	2	AT1G43690.1	S7(Phospho)		1523.76935	S(7): 97.6; S(9): 2.4	0	0.0003303										High		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
MTAIDSDDDGVVRSK	6	AT1G70770.1	S6(Phospho)		1688.71709	T(2): 0.0; S(6): 100.0; S(14): 0.0	0	0.00000156										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G70770.1	Protein of unknown function (		3	54	1	6	1	8			1	2	1	6	1	7	1	3			2	10	2	12					
GLAYDTSDDQQDITRGK	13	AT2G39730.1	T6(Phospho)		1962.84026	Y(4): 0.0; T(6): 89.9; S(7): 10.1;	0	0.000001697										High	High	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT2G39730.1	rubisco activase		22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357					
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	7	AT1G43690.1	S19(Phospho)		2643.13881	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S	0	0.0001392										High	Medium	1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSRR	3	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)		2879.20351	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.2; S	0	0.0001832										High		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-co		11	267	3	7	2	4	2	20	2	14	4	18	5	24	3	16	2	9	10	79	8	76					
LVKPEATVHEDDDSDEGWQEAVPKNR	3	AT4G28080.1	S14(Phospho)		3044.36074	T(7): 0.0; S(14): 100.0	0	0.00002845										High		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30		1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166					
IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPKSSGWFGGGATEEVKPK	25	AT5G52310.1	S17(Phospho)		4450.09260	T(10): 0.0; S(17): 98.2; S(20): 1.	0	0.000002009										High	High	2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2					

	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
KHNVKAGENASAEE	4	AT3G06700.1	S11(Phospho)	1563.67681	S(11): 100.0	0	0.0003618									High	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06700.1	Ribosomal L29e protein famil	2	10																	2	6	2	4
KLDAAEEDSDENESSKGGR	6	AT1G32810.2	S9(Phospho)	2116.86472	S(9): 100.0; S(14): 0.0; S(15): 0.	0	0.0002075									High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G32810.2	RING/FYVE/PHD zinc finger s	1	6																	1	1	1	5
KTSDGDLQDVLMAAQAAADSAERAASAAR	4	AT1G34220.1	S3(Phospho)	2982.38871	S(3): 100.0; S(20): 0.0; S(26): 0.	0	0.00007939									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
SFSVDSDFFDDLGVTEEKFIATSSGEK	5	AT1G43700.1	S3(Phospho)	3037.32566	S(1): 11.6; S(3): 88.4; S(6): 0.0;	0	5.88E-10									High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43700.1	VIRE2-interacting protein 1	2	45					1	22	1	16			1	2					1	5		
SFLLDDASDGNESGTEEDQSAFMKELDSFFRER	2	AT2G17410.2	S13(Phospho)	3852.62734	S(1): 0.4; S(8): 1.0; S(13): 74.3;	0	0.003803									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17410.2	AKID/BRIGHT DNA-binding d	6	168	3	41	3	39	1	1			3	16	4	32	3	17	2	3	3	9	2	10
SNYDKEQFEDLYEQDGDVTPRNSSPPSPFHPAAVK	1	AT4G38550.1	T19(Phospho); Y34(Phospho)	4188.76333	S(1): 0.0; Y(3): 0.0; Y(12): 0.0; T	0	0.0001435									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-lik	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
TLSGNDKDQSGGEEETTSR	4	AT5G51300.1	S3(Phospho); S10(Phospho)	2170.81180	T(1): 3.6; S(3): 96.5; S(10): 99.9	0	0.0002404									High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51300.1	splicing factor-related	5	27			1	1					2	8	1	1					2	6	3	11
DLTMNKFDWDHPLHLQPMSPTTVK	4	AT5G15490.1	S19(Phospho)	2931.35586	T(3): 0.0; S(19): 95.8; T(21): 3.4	0	0.002915									High	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G15490.1	UDP-glucose 6-dehydrogenas	2	31	1	2	1	8					1	1			1	4	2	3	3	7	3	6
GWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPKSSGWFGGGATEEVKPK	6	AT5G52310.1	S15(Phospho)	4208.93934	T(8): 9.8; S(15): 86.0; S(18): 3.5	0	0.00007913									High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
FAAPSSLSEDDDDDDDDDPDYVEEEEEPLVSHRPRR	1	AT4G23040.1	S8(Phospho)	4241.71059	S(5): 11.3; S(6): 29.5; S(8): 29.5	0	0.0002888									High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G23040.1	Ubiquitin-like superfamily prot	10	356	6	52	5	55	1	26	1	22	3	12	4	50	4	51	3	8	4	15	7	65
EASDDDEDDEEADDHDKLR	2	AT1G80000.1	S3(Phospho)	2298.81351	S(3): 100.0	0	0.0001896										High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G80000.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII bin	1	2																			1	2
LDELVHYLIAELTELDKKNLTFK	1	AT1G22275.1	Y7(Phospho); T21(Phospho)	2905.43789	Y(7): 100.0; T(13): 0.0; T(21): 16	0	0.001315										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22275.1	Myosin heavy chain-related p	2	2			1	1															1	1
GRDSSRAASPDPLGFSSSSGTAR	1	AT4G35980.1	S5(Phospho); S9(Phospho)	2407.98575	S(4): 90.3; S(5): 9.7; S(9): 100.0	0	0.003961										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35980.1	unknown protein; FUNCTION	1	1																			1	1
LSTPSFGDLNHLISATMSGVTCCLRFPGQLNSDLR	1	AT2G29550.1	T21(Phospho); C22(Carbamidom	3944.87197	S(2): 0.0; T(3): 0.0; S(5): 0.0; S(	0	0.0005808										High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29550.1	tubulin beta-7 chain	2	1280	7	188	8	232	2	2	1	2	9	154	7	129	8	167	8	108	8	112	10	186
STNFTSPR	3	AT4G28080.1	S6(Phospho)	989.40837	S(1): 0.0; T(2): 0.0; T(5): 8.9; S(	0.001	0.01765	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
SIDITKIR	28	AT5G20340.1	T5(Phospho)	1025.54302	S(1): 0.0; T(5): 100.0	0.001	0.01384	High	High						Medium		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20340.1	beta-1,3-glucanase 5	1	26	1	6	1	13															1	7
TTSRPISPR	19	AT4G15545.1	S7(Phospho)	1094.53423	T(1): 0.0; T(2): 0.0; S(3): 0.0; S(	0.001	0.006919	Medium	High					Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabi	6	91	5	31	4	30					2	4	1	2			1	1	1	3	23	
GRPGYGEASEEDKFPAR	18	AT5G52310.1	S9(Phospho)	1945.84165	Y(5): 0.4; S(9): 99.6	0.001	0.008503	High	High					High	High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
HRLQNLISISAADGLSDSFGVSTR	44	AT5G14310.1	T23(Phospho)	2624.28257	S(8): 0.0; S(10): 0.0; S(16): 13.9	0.001	0.01305	High	Medium	Medium	Medium	High	Medium	Medium	Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14310.1	carboxyesterase 16	1	32	1	12	1	5					1	11					1	4				
VVRTAGSDSAAPLSGSCLSPLAYNHGFLGSR	1	AT4G02740.1	C18(Carbamidomethyl); S31(Pho	3340.61269	T(4): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 0.0; S(	0.001	0.01749	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02740.1	F-box/RNI-like superfamily pr	1	1	1	1																		
KSLSDHIQKEPK	18	AT5G40450.1	S2(Phospho)	1489.73883	S(2): 89.4; S(4): 10.6	0.001	0.01013	High	High						High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
LIHKSIKNSVWLLK	6	AT3G50030.1	S5(Phospho)	1759.01181	S(5): 100.0; S(9): 0.0	0.001	0.0126	Medium	High					High		High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G50030.1	ARM-repeat/Tetratricopeptide	1	2													1	2						
LTTFFEDVIDELLK	36	AT3G53300.1	T3(Phospho)	1762.85988	T(2): 50.0; T(3): 50.0	0.001	0.007971	Medium	Medium					Medium	Medium		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G53300.1	cytochrome P450, family 71,	1	22	1	4	1	11									1	7						
KSYKITTPGFQANLFR	55	AT5G49570.1	S2(Phospho)	1950.98357	S(2): 98.0; Y(3): 2.0; T(6): 0.0; T	0.001	0.005556	Medium	Medium	Medium	Medium	High	High		Medium		Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G49570.1	peptide-N-glycanase 1	4	60	1	9	1	13					3	17	1	7	3	3	1	1	1	1	2	9
SAHQEDAFSLETRPRTPERR	13	AT2G20960.1	T12(Phospho)	2463.14809	S(1): 0.0; S(9): 9.8; T(12): 45.1;	0.001	0.01496	Medium				Medium	High	Medium		Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
NQAEKQAWEEDLRVLEETWR	7	AT5G66030.1	T18(Phospho)	2610.19187	T(18): 100.0	0.001	0.01559	Medium	High			High		Medium		Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G66030.1	Golgi-localized GRIP domain-c	1	7	1	1	1	1					1	1	1	1	1	1			1	2	1	1
VSLISIVSVVFLFTTFYHFGEAR	29	AT2G23990.1	T15(Phospho)	2825.45853	S(2): 0.0; S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(	0.001	0.01569	High	Medium			Medium		Medium	Medium	Medium	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G23990.1	early nodulin-like protein 11	1	11																			1	11
ITPSLAYLEQIR	1	AT1G50920.1	T2(Phospho)	1483.75431	T(2): 46.8; S(4): 46.8; Y(7): 6.5	0.001	0.01547	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G50920.1	Nucleolar GTP-binding protein	2	14	1	1									1	5					1	1	1	7
KAVKSQVISGR	26	AT4G30560.1	S9(Phospho)	1252.67575	S(5): 0.0; S(9): 100.0	0.001	0.01242	High	Medium			High	Medium	High	Medium	Medium	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G30560.1	cyclic nucleotide gated chann	1	26	1	5	1	5					1	3	1	3	1	3	1	1	1	3	1	3
SVSTPFMNTTAK	55	AT1G37130.1	S3(Phospho)	1363.59490	S(1): 0.3; S(3): 97.7; T(4): 2.0; T	0.001	0.008705	Medium	High			High	High	High	Medium	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30	2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340
TVETRPRTPEHQPR	8	AT2G20960.1	T4(Phospho)	1783.85575	T(1): 1.0; T(4): 99.0; T(8): 0.0	0.001	0.0126	High	High					High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
EHVFTGSVSSLAWFMSNQETSFVTLGQR	13	AT2G36850.1	T20(Phospho)	3225.45376	T(5): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 0.0; S(	0.001	0.03622	Medium	High		High			Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36850.1	glucan synthase-like 8	3	7			3	4			1	3												
SSNPVSVVGNVTYSKPER	51	AT2G45320.1	S2(Phospho)	1999.95334	S(1): 33.3; S(2): 33.3; S(6): 33.3	0.001	0.02023	High	Medium			High	Medium	Medium		High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45320.1	unknown protein; FUNCTION	1	6			1	6																
LEILINQVTSGTDGEVLPVVLDPSSDKSKR	41	AT3GD4820.1	T9(Phospho); S24(Phospho)	3369.65078	T(9): 46.0; S(10): 46.0; T(12): 2	0.001	0.00933	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3GD4820.1	Pseudouridine synthase famil	1	14	1	4	1	8			1	1	1	1										
TAVYGGRSPDHREK	26	AT2G20960.1	S8(Phospho)	1652.75187	T(1): 0.0; Y(4): 0.1; S(8): 99.9	0.001	0.0183	High	Medium			High	High	High		Medium	Medium	2						

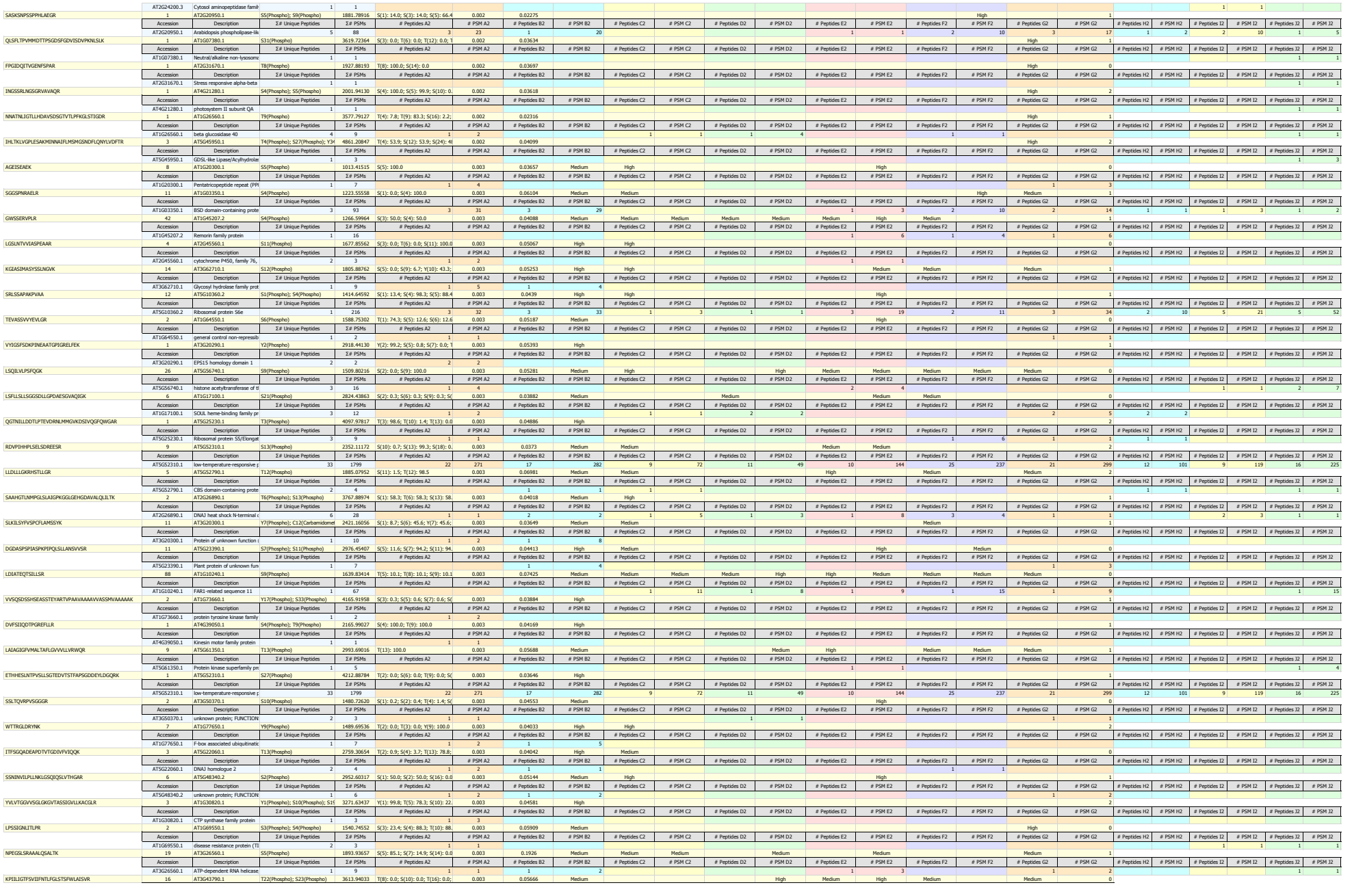
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
SSSGSRSPPYEDGYDRR	72	AT4G13350.1	S5(Phospho)	1995.81699	S(1): 24.0; S(2): 24.0; S(3): 24.0	0.001	0.0161	Medium	High			Medium	High	High	Medium	High	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)	5	235	5	58	4	39					3	12	4	45	3	13	3	11	3	34	4	23
AVNSSGVVAAISEDLVKTLR	13	AT1G72520.1	S4(Phospho); S12(Phospho)	2189.06704	S(4): 85.6; S(5): 14.4; S(12): 3.0	0.001	0.01065	High	Medium			High		Medium	Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72520.1	PLAT/LH2 domain-containing	2	11	1	4	1	1					1	5									1	1
IGDTAGTIDNIIQCKLYRPGSVGFVSK	3	AT3G06650.1	C14(Carbamidomethyl); Y17(Pho	3069.44748	T(4): 30.7; T(7): 30.7; Y(17): 46.	0.001	0.009363	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06650.1	ATP-citrate lyase B-1	6	166	4	21	2	20					3	30	4	16	4	24	3	17	3	15	3	23
SALAILMNLGMIDESKISRSLPWR	23	AT2G44160.1	S18(Phospho); S20(Phospho)	2861.38492	S(1): 0.0; S(15): 0.0; S(18): 100.	0.001	0.007236	Medium	High	Medium	Medium	Medium		High	Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44160.1	methylenetetrahydrofolate re	1	59	2	14	3	21	1	3			2	8	2	5	3	6	2	2				
GSGGVGASGGAGGNVGAGGGLGGGVGGGVGGSVGGAVGG	12	AT4G01985.1	S2(Phospho); S36(Phospho); S5	4631.02125	S(2): 75.8; S(8): 54.8; S(36): 81.	0.001	0.01537	Medium	Medium			Medium		High	Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
AFSFPAENSMVDFGLEDILYITGLPIDGKQIK	1	AT2G05350.1	S3(Phospho)	3608.76010	S(3): 99.9; S(9): 0.1; Y(20): 0.0;	0.001	0.01738	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G05350.1	unknown protein; Has 22 Bla	1	1	1	1																		
SRLSSAPAKPVAA	35	AT5G10360.2	S4(Phospho)	1334.68059	S(1): 0.3; S(4): 88.4; S(5): 11.3	0.001	0.0125	High	High			High		High	High		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G10360.2	Ribosomal protein S6e	1	216	3	32	3	33	1	3	1	1	3	19	2	11	3	34	2	10	5	21	5	52
HHHPSSDATLFSSSLPVFPR	6	AT1G29400.1	S14(Phospho)	2299.06557	S(5): 75.7; S(6): 20.4; T(9): 0.7;	0.001	0.01117	High					High	High			Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29400.1	MEI2-like protein 5	2	22	2	5							1	1	2	3	2	9			1	1	2	3
SSIPISFLSSLLKTAIGSGTSVSCR	1	AT2G47860.2	T20(Phospho); C24(Carbamidom	2648.33054	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(6): 0.9; S(	0.001	0.008983	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G47860.2	Phototropic-responsive NPH3	1	1	1	1																		
ESNIVDGSGSPGVK	9	AT5G47480.1	S10(Phospho)	1425.62346	S(2): 0.0; S(8): 0.2; S(10): 99.8	0.001	0.005331	High	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47480.1	RGPR-related	4	40	3	11	2	12							1	4	3	13						
EVISDPSTPKPNTEPFAHYPQGK	8	AT2G38280.1	T8(Phospho)	2619.22409	S(4): 0.0; S(7): 3.2; T(8): 96.1; T	0.001	0.04611	High	High	High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / m	10	133	5	27	4	27	3	19	2	9	1	1	2	17	1	14	3	6	4	11	2	2
LEAISLLRASLMTSSALTSSFWSLISK	4	AT3G09140.2	S26(Phospho)	2993.74355	S(5): 0.0; S(10): 0.0; T(13): 0.0;	0.001	0.02014	Medium	Medium				High				High							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09140.2	Protein of unknown function (	1	4	1	1	1	1							1	1							1	1
ADDCIGPEVETLVASLPEGGVLLLENVR	3	AT1G56190.2	C4(Carbamidomethyl); T11(Phosp	3125.46311	T(11): 100.0; S(15): 100.0	0.001	0.01208	High	High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G56190.2	Phosphoglycerate kinase fami	1	3	1	2	1	1																
ISSSGLISIESTK	14	AT1G10490.1	S8(Phospho); T12(Phospho)	1481.65409	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(	0.001	0.01914	Medium	Medium			High		High	High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G10490.1	Domain of unknown function	2	5									2	5										
DGASQDQILNETR	1	AT3G01780.1	S4(Phospho)	1526.64530	S(4): 100.0; T(12): 0.0	0.001	0.00933	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G01780.1	ARM repeat superfamily prote	4	78	2	15	1	13			1	2	2	10	3	19	2	18	1	1				
HDPSSGSHSFSDNTRPAHDS	13	AT1G34220.1	S5(Phospho)	2217.86002	S(4): 81.4; S(5): 17.3; S(7): 1.0;	0.001	0.01716	High	High				Medium	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
EVSTLSDPGSPR	2	AT4G05150.1	S10(Phospho)	1324.57756	S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 0.2; S(	0.001	0.01183	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	8	391	7	44	3	59	3	17	3	51	2	24	4	53	6	42	4	19	3	27	5	55
LPLKSILISKSVSK	2	AT4G17780.1	S9(Phospho); S13(Phospho)	1672.90042	S(5): 0.0; S(9): 99.5; S(11): 93.6	0.001	0.006193	Medium									High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17780.1	F-box and associated interact	1	2			1	1															1	1
LTGLELAQEEANSLSNMVHSDNVRLEHDVAFLK	6	AT5G18590.1	T2(Phospho)	3759.80726	T(2): 84.3; S(13): 12.3; S(15): 2.	0.001	0.01259	Medium					Medium	High			Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18590.1	Galactose oxidase/kelch repe	1	1													1	1						
MSTVGELACSYAVMILEDEGIAITSDK	2	AT4G00810.1	S2(Phospho); C9(Carbamidometh	2983.33792	S(2): 73.4; T(3): 22.0; S(10): 2.3	0.001	0.006051	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00810.1	60S acidic ribosomal protein f	2	131	1	9	3	24	1	12	1	9	1	42	2	27	1	1	1	2	1	1	1	4
KTGGKPQSPGKSSEGHVK	1	AT5G55850.3	S8(Phospho)	1817.88883	T(2): 0.1; S(8): 99.7; S(12): 0.0;	0.001	0.005913	High										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55850.3	RPM1-interacting protein 4 (F	2	2			2	2																
VGSFEVDVTLEGSIILCR	1	AT4G34200.1	S13(Phospho); C17(Carbamidom	2073.99209	S(3): 20.1; T(9): 20.1; S(13): 59.	0.001	0.01207	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34200.1	D-3-phosphoglycerate dehydr	3	64	2	9	3	10	1	4	1	5	1	9	2	10	1	8	1	2	1	2	2	5
EISEVTELEEEEDESVSILSSEDTDTGAKSEMK	3	AT4G34400.1	S30(Phospho)	3725.57722	S(3): 0.1; T(6): 0.1; S(15): 0.2; S	0.001	0.02234	High									High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34400.1	AP2/B3-like transcriptional fa	1	2			1	2																
WSLVGMTALVTGGSKGIGEAVVEELATLGAR	5	AT2G29360.1	S14(Phospho)	3152.59926	S(2): 0.0; T(7): 0.0; T(11): 0.0; S	0.001	0.01972	Medium				High	Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29360.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	26			2	3					2	10	2	2	1	2	1	2	1	1	1	6
LLADGNFKVCLFGPSEVSLR	3	AT2G31955.1	C10(Carbamidomethyl); S15(Pho	2302.12973	S(15): 99.2; S(18): 0.8	0.001	0.009674	High							Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G31955.1	cofactor of nitrate reductase	1	2			1	2																
ELGWSDDEDKKPATISLEGEFSSLLR	1	AT1G61690.1	S5(Phospho)	3002.41092	S(5): 100.0; T(14): 0.0; S(16): 0.	0.001	0.007726	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61690.1	phosphoinositide binding	1	1			1	1																
ELLESAQAAYYKRDTSFSLQSVEDIMK	3	AT5G08590.1	Y11(Phospho)	3202.50820	S(5): 0.2; Y(10): 0.5; Y(11): 5.1;	0.001	0.0116	High										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G08590.1	SNF1-related protein kinase 2	2	14			1	3	1	4	1	7												
IDTKEGLIETLDK	8	AT5G49660.1	T3(Phospho)	1554.76116	T(3): 100.0; T(10): 0.0	0.001	0.05786			High	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G49660.1	Leucine-rich repeat transmem	1	3					1	3														
DDIEVVAVNDPFIDAKYMAYMFK	8	AT1G16300.1	Y20(Phospho)	2774.25664	Y(17): 15.4; Y(20): 84.6	0.001	0.09892			High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G16300.1	glyceraldehyde-3-phosphate d	1	8					1	8														
SVYASALAIPAICSTSQAPTSPTPPPPPAYYSVQQK	3	AT5G07740.1	S1(Phospho); Y3(Phospho); S5(P	4578.60532	Too many isoforms	0.001	0.1			High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G07740.1	actin binding	2	5					1	3							1	2						
SGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGSGGGGTVGAGGR	1	AT4G01985.1	S22(Phospho); T36(Phospho)	3101.31772	S(1): 20.8; S(22): 77.9; S(31): 2	0.001	0.04975			High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	10	AT3G25070.1	S13(Phospho)	2528.12119	S(1): 0.0; T(6): 0.1; S(13): 99.8;	0.001	0.005081				High			High	High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	3	53	2	15	2	25											1	2	2	6	2	5
GSGGAGGGTGGSVGAGGGVGVGGGGGIGGGAGGGVGGGVGGGV	11	AT4G01985.1	S2(Phospho); T9(Phospho)	4691.17761	S(2): 94.6; T(9): 77.5; S(12): 27.	0.001	0.005273					Medium	Medium	High		Medium	High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
ILSPAHKPESSSGTSSPSQFSLPAK	4	AT1G75100.1	S3(Phospho); S10(Phospho); S13	2780.19449	S(3): 99.9; S(10): 0.1; S(11): 0.8	0.001	0.03571				High		Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G75100.1	J-domain protein required for	7	45	4	11	3	13			1	1			3	14	1	2	1	2			1	2

| | | |

	AT3G50150.1	Plant protein of unknown fun		1	3													1	3							
SVDHSLFSGGGRMSPR	6	AT2G41900.1	S14(Phospho)		1769.77915	S(1): 0.0; S(5): 3.0; S(8): 3.0; S(	0.001	0.01601								High			Medium	1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein	5		70	2	9	1	1					3	11	2	5	6	25	1	1	2	13	2	5	
SHDDIVTLTAAAATALRGAATLK	30	AT3G63300.1	S1(Phospho)		2347.20865	S(1): 15.5; T(7): 83.8; T(9): 0.6;	0.001	0.01515							Medium	Medium	High	Medium	1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G63300.1	FORKED 1	4		27									1	1	1	1	2	8	1	13			1	4	
DSLVQSGAKPELIAAFDTNGAELLYEIRLLNTTQR	6	AT5G28500.1	S2(Phospho); T18(Phospho); T3		4086.92251	S(2): 82.0; S(6): 40.4; T(18): 40.	0.001	0.01729							High				1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G28500.1	unknown protein; FUNCTION	8		377	3	52	4	77	1	6	2	8	5	35	5	45	5	41	4	28	3	20	7	65	
SEEQEEGSYRKPSYGR	3	AT5G39570.1	S8(Phospho)		1981.82407	S(1): 0.0; S(8): 11.1; Y(9): 66.7;	0.001	0.01111							High	High			1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10		68	1	3	1	3					1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15	
VTLADQTTFDAKVVGFDQDK	1	AT3G27925.1	T2(Phospho); T7(Phospho); T8(P		2437.98110	T(2): 100.0; T(7): 100.0; T(8): 1	0.001	0.008693							High				1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G27925.1	DegP protease 1	1		1													1	1							
LVGSLPIMR	4	AT5G42870.1	S4(Phospho)		1065.55376	S(4): 100.0	0.001	0.01614							High		Medium	Medium	0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G42870.1	phosphatidic acid phosphohy	3		6	1	1											1	1			1	1	2	3	
SLMNLTQLELNSLSVAKDVGKAFGILAGLASDR	12	AT4G34950.1	S14(Phospho)		3511.83999	S(1): 0.2; T(6): 0.3; S(12): 6.0; S	0.001	0.01648							Medium	Medium	Medium	Medium	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G34950.1	Major facilitator superfamily p	1		12													1	5	1	4	1	1	1	2	
QVPAYVISQVIGSTLAAATLRLLFGLDQDVCSGK	2	AT4G18910.1	C31(Carbamidomethyl); S32(Pho		3670.88418	Y(5): 0.0; S(8): 0.0; S(13): 0.0; T	0.001	0.009638							Medium		High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G18910.1	NOD26-like intrinsic protein 1	1		1																	1	1			
GKDLGDEEVWGREVPSFIQR	5	AT3G08510.1	S16(Phospho)		2397.12503	S(16): 100.0	0.001	0.0159									High		2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G08510.1	phospholipase C 2	6		106	2	17	2	25			1	2	1	10	1	7	4	20	1	5	2	13	1	7	
TESMSKLRPESDDRTESTQSSYSGPR	10	AT1G64500.1	S3(Phospho)		3011.30361	T(1): 11.1; S(3): 42.4; S(5): 42.4	0.001	0.006198									Medium	High	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G64500.1	Glutaredoxin family protein	6		317	4	55	4	60	3	33	4	43	2	12	3	37	2	37	2	13	3	16	2	11	
GSGARADDNSQDGRGGLQR	5	AT2G43160.3	S10(Phospho)		1996.85575	S(2): 0.0; S(10): 100.0	0.001	0.01325									High	Medium	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	7		127	4	18	3	7	3	39	3	24	2	2	1	11	2	19	1	1	1	4	2	2	
IVAESTEDSTAESSSSGRRER	4	AT4G28920.1	S9(Phospho)		2334.01169	S(5): 3.9; T(6): 72.6; S(9): 16.3;	0.001	0.0117									Medium	High	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G08920.1	cryptochrome 1	6		34					2	6	1	4	2	4	3	11			1	4	1	2	2	3	
RESPSPAKPSRPSPSQQTIPR	1	AT5G09850.1	S3(Phospho)		2383.18691	S(3): 92.0; S(5): 5.1; S(10): 0.8;	0.001	0.01445									High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G09850.1	Transcription elongation factc	2		75	1	10	1	13					1	9	1	9	1	4	1	7	2	10	1	13	
VYSDDERSDHGVQAGYRKPPTPR	2	AT2G01190.1	T21(Phospho)		2710.22890	Y(2): 0.1; S(3): 0.2; S(8): 1.2; Y(	0.001	0.009268									High		2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p	4		148	3	21	3	27					1	9	2	23	2	21	2	11	3	9	2	27	
MEAMENRPEIKQGNESGDDDDHDDGNYTAR	1	AT2G44730.1	S16(Phospho)		3489.35512	S(16): 100.0; Y(27): 0.0; T(28): (	0.001	0.0154									High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G44730.1	Alcohol dehydrogenase transa	2		4													1	3			1	1			
EMTIVVPDSSNIYSAFGEAESKSVETLSPFQQKDGQK	4	AT1G07110.1	T26(Phospho)		4126.89663	T(3): 0.0; S(9): 0.4; S(10): 0.4; Y	0.001	0.01128									High		2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14		350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35	
NSEDSGVTVDGSPSAKEMTIVVPDSSNIYSAFGEAESK	1	AT1G07110.1	S12(Phospho)		3984.77561	S(2): 0.1; S(5): 0.2; T(8): 2.3; S(	0.001	0.013									High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14		350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35	
AHQNQTTNQTVFLKPAKVHDDDEDVSSEDENETHNSNAVYYK	1	AT1G37130.1	T10(Phospho); S26(Phospho)		4978.10834	T(6): 41.2; T(7): 41.2; T(10): 17.	0.001	0.01206									High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	30		2867	14	263	15	297	12	105	11	137	26	378	20	319	21	529	15	179	20	320	19	340	
ESGSTDGDSPTEKDAGDSNSGLSPKPK	1	AT4G28080.1	S23(Phospho)		2743.16361	S(2): 0.0; S(4): 0.0; T(5): 0.0; S(	0.001	0.009061									High		1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30		1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166	
LKTTVQKTEDEDYVEGSETGYPEASGNPVDGAASPSATTGYVTK	1	AT4G23460.1	S34(Phospho)		4630.09731	T(3): 0.1; T(4): 0.2; T(8): 0.3; Y(	0.001	0.009195									High		2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G23460.1	Adaptin family protein	1		107	1	10	1	10	2	11	3	7	6	25	5	19	3	10	3	6	3	4	4	5	
SASSAALLVGDPSAMRDKAGNFVLPR	1	AT1G55350.3	S4(Phospho); S13(Phospho)		2790.30225	S(1): 4.2; S(3): 17.6; S(4): 78.2;	0.001	0.01171									High		2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G55350.3	calpain-type cysteine proteas	1		1																			1	1	
LYVGNLPYTITSSELSQIFGEAGTVVDVQIVYDK	3	AT3G52380.1	T24(Phospho); Y32(Phospho)		3878.86667	Y(2): 10.4; Y(8): 12.9; T(9): 12.9	0.001	0.02057										High	0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G52380.1	chloroplast RNA-binding prot	2		5			1	2															1	3	
SSEPTIVTKNK	1	AT1G51810.1	T8(Phospho)		1283.62268	S(1): 0.3; S(2): 0.3; T(5): 4.0; T(	0.001	0.02176										High	1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G51810.1	Leucine-rich repeat protein k	1		1																			1	1	
TGDRDKSSNSDTEDLQR	2	AT3G48050.1	S10(Phospho)		2003.82840	T(1): 0.0; S(7): 0.1; S(8): 0.5; S(	0.001	0.01461										High	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G48050.1	BAH domain ;TFIIS helical bu	5		61	2	14	2	13					1	2	3	9	2	11			1	1	4	11	
AQGDESKGDGDSAGEEGGTENRDK	1	AT1G68370.1	S12(Phospho)		2488.97037	S(6): 23.2; S(12): 76.8; T(19): 0.	0.001	0.006119										High	2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G68370.1	Chaperone DnaJ-domain supe	2		3									1	1			1	1					1	1	
SGGMLETQNVGPEEISDDEIELPEGK	1	AT1G74690.1	S16(Phospho)		2853.23801	S(1): 0.0; T(7): 16.9; S(16): 83.1	0.001	0.02112										High	0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G74690.1	IQ-domain 31	3		3	1	1															1	1	1	1	
LYYDGCACIVVNGNVVAQGSQFSLRDVEVIISQVDLDAVASLR	2	AT1G55090.1	Y3(Phospho); C6(Carbamidometh		4953.28759	Y(2): 50.0; Y(3): 50.0; S(20): 30.	0.001	0.02015										High	1							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G55090.1	carbon-nitrogen hydrolase far	2		6									1	1							1	3	1	2	
RRSTSDAFEK	9	AT1G56220.1	S3(Phospho)		1276.56800	S(3): 99.2; T(4): 0.4; S(5): 0.4	0.002	0.0271	High	High				High	High				2							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated fa	3		11	1	3	2	2							2	3	1	3							
SSLSTSLEIYPLAGR	13	AT3G50300.1	T5(Phospho)		1820.88260	S(1): 0.2; S(2): 0.2; S(4): 10.7; T	0.002	0.03972	Medium	Medium				High	High				0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G50300.1	HXXXD-type acyl-transferase	1		3	1	3																			
VNESSSLPGSR	4	AT1G75100.1	S6(Phospho)		1212.52385	S(4): 0.7; S(5): 14.5; S(6): 81.9;	0.002	0.03513	Medium	High									0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G75100.1	J-domain protein required for	7		45	4	11	3	13			1	1			3	14	1	2	1	2			1	2	
YSDVRNSGRDASEPLGK	23	AT1G50750.1	S2(Phospho)		1930.87333	Y(1): 50.0; S(2): 50.0; S(7): 0.0;	0.002	0.03291	Medium	High							High		Medium	2						
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G50750.1	Plant mobile domain protein f	1		23	1	7	1	8							1	4							1	4	
EDVLATAEGVVLVK	38	AT5G05540.2	T6(Phospho)		1522.77690	T(6): 100.0	0.002	0.03223	High	High	Medium	Medium	Medium	Medium	High	Medium	Medium	High	0							
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G05540.2	small RNA degrading nucleas	2		19			1	8									2	7					1	4	
YASCNTHLGIEQGR	19	AT4G28860.2	S3(Phospho); C4(Carbamidometh		1765.67312	Y(1): 27.9; S(3): 86.1; T(6): 86.1	0.002	0.03177	Medium	Medium					Medium		High	Medium	High	0						
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G28860.2	casein kinase I-like 4	1		19	1	1	1	5					1	2			1	5	1	3	1	1	1	2	
DDLESLGYLLMYFLRGSLPWQGLR	27	AT1G04440.1	S17(Phospho)		2922.41713	S(5): 0.0; Y(8): 0.0; Y(12): 0.8; S	0.002	0.0391	Medium	Medium				High	Medium	Medium	High	High	Medium	1						
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G04440.1	casein kinase like 13	1		6	1	4									1	2									
IVSKAFFEIFLIFVTTGR	27	AT3G28380.1	S3(Phospho); T16(Phospho)		2248.12856	S(3): 100.0; T(15): 50.0; T(16):	0.002	0.02483	Medium	Medium				Medium	High	Medium		Medium	1							

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28380.1	P-glycoprotein 17	1	5			1	1							1	4								
LLDRFLSCRPTGLAKNSR	4	AT4G32285.1	C8(Carbamidomethyl); S17(Phosp	2184.10929	S(7): 0.0; T(11): 0.0; S(17): 100.	0.002	0.0344	Medium	High									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32285.1	ENTH/ANTH/VHS superfamily	3	31	2	4	1	3					2	13			2	6			1	5		
ASLEPKEEVDHISNETEEHEHVLER	10	AT5G40450.1	S13(Phospho); T16(Phospho)	3116.30996	S(2): 0.3; S(13): 99.8; T(16): 99.	0.002	0.03721	High	High		Medium		High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
LSGQIPSDFSNLTHLR	1	AT2G26730.1	T13(Phospho)	1864.88651	S(2): 0.0; S(7): 0.0; S(10): 0.5; T	0.002	0.02514	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26730.1	Leucine-rich repeat protein ki	1	1	1	1																		
TIGVFSSLEENILDIIK	3	AT3G44050.1	S7(Phospho)	1971.01883	T(1): 1.7; S(6): 86.5; S(7): 11.8	0.002	0.03575	Medium	High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G44050.1	P-loop containing nucleoside	1	2			1	2																
LSMLSVTGGTVAETLNQFIMEGITVR	12	AT1G02370.1	S5(Phospho)	2847.41529	S(2): 77.1; S(5): 20.5; T(7): 1.8;	0.002	0.03506	Medium						High	Medium	High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G02370.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1	1	1																		
LSLIESPVNPDIGSIGGTGGLVR	1	AT3G57860.1	S6(Phospho); T18(Phospho)	2411.14542	S(2): 0.6; S(6): 98.8; S(14): 1.2;	0.002	0.03345	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G57860.1	UV-B-insensitive 4-like	1	1	1	1																		
NLLFSLTAATVVTGLQPASMAENIPLFGIRK	4	AT2G23670.1	S5(Phospho); T10(Phospho)	3432.74732	S(5): 22.4; T(7): 94.2; T(10): 80.	0.002	0.0294	Medium							Medium		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G23670.1	homolog of Synechocystis YC	3	7	1	1	1	3											2	3				
TPYHPMMDDDGSLSPR	1	AT5G52200.1	S14(Phospho)	1898.73979	T(1): 0.0; Y(3): 0.0; S(12): 16.0;	0.002	0.02791	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52200.1	phosphoprotein phosphatase	1	1	1	1																		
VLAESESSAFEDQCGR	2	AT5G14740.2	S8(Phospho); C14(Carbamidome	1864.73845	S(5): 0.2; S(7): 11.0; S(8): 88.8	0.002	0.01791	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14740.2	carbonic anhydrase 2	6	1110	5	128	7	175	3	63	3	52	10	134	9	88	9	148	10	105	10	99	9	118
TLTEKQIDIEIELTDTIERIK	3	AT1G11980.1	T1(Phospho); T3(Phospho)	2661.28530	T(1): 100.0; T(3): 100.0; T(14): (	0.002	0.02974	High						High	Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G11980.1	ubiquitin-related protein 3	1	3	1	1											1	1	1	1				
MIEAFIIILTFTQLYLMLIHAGSLSSKYGPGYR	12	AT1G04560.1	Y16(Phospho); S24(Phospho); S2	4339.89956	T(10): 0.2; T(12): 0.7; Y(16): 99.	0.002	0.02596	Medium	High			Medium		High		High	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04560.1	AWPM-19-like family protein	1	1																			1	1
ADESPEKVTVVPK	3	AT3G25070.1	S4(Phospho)	1478.71233	S(4): 100.0; T(9): 0.0	0.002	0.02617	Medium	High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	3	53	2	15	2	25											1	2	2	6	2	5
VMADVNIDVESAEIDTEGLVAKDK	3	AT5G04740.1	T16(Phospho)	2641.23099	S(11): 0.0; T(16): 100.0	0.002	0.07032			Medium	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G04740.1	ACT domain-containing prote	4	6	1	1	2	3			1	1									1	1		
KILPITLQAVLLQFLIVSASALTSTK	4	AT1G54980.1	T6(Phospho); S19(Phospho); T2	3267.58437	T(6): 100.0; S(19): 96.2; S(21):	0.002	0.04451		Medium				High		Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54980.1	Plant invertase/pectin methyl	1	1											1	1								
ADRPTLSNINLDIPLGSLVAVVGSTGEGK	26	AT1G30400.1	S7(Phospho); S24(Phospho)	3053.49845	T(5): 50.4; S(7): 50.4; S(17): 33.	0.002	0.04654		Medium			Medium		Medium	Medium		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30400.1	multidrug resistance-associat	1	8			1	3									1	5						
TKKPSSPSSSMK	7	AT4G23630.1	S6(Phospho)	1344.62180	T(1): 0.0; S(5): 8.0; S(6): 92.0; S	0.002	0.03492		High				Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G23630.1	VIRB2-interacting protein 1	3	16	2	2	1	4	1	2	1	2			1	3	1	3						
KVYVFGCTEPQLVPYKGANK	1	AT5G10010.1	C7(Carbamidomethyl); Y15(Phosp	2378.15567	Y(3): 0.0; T(8): 0.0; Y(15): 100.0	0.002	0.02747		High									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G10010.1	unknown protein; FUNCTION	1	1			1	1									1							
TRGAFIAAVFGMQGIGILAAGAVSLLVSAVFESK	1	AT5G43340.1	T1(Phospho); S24(Phospho)	3511.79660	T(1): 77.5; S(24): 62.8; S(28): 2	0.002	0.03787		High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G43340.1	phosphate transporter 1;6	1	1			1	1																
ATAADVDAEIQQALTNEVK	5	AT3G11940.1	T2(Phospho)	2066.95969	T(2): 99.5; T(15): 0.5	0.002	0.03375		Medium			High	High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G11940.1	ribosomal protein SA	4	194	3	42	4	54	1	11	1	8	3	17	3	10	2	16	2	14	2	10	2	12
TTEGLNLDQLNSVFAAVGFPRRDTAK	12	AT1G26220.1	T2(Phospho)	2900.42447	T(1): 50.0; T(2): 50.0; S(12): 0.0	0.002	0.03887		High		High		Medium	High			Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26220.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (	3	13	1	1	1	4					2	4	2	3			1	1				
ITGVGDAIVQGTEALAQGVAFGVSGVVTKPVESAR	14	AT4G17140.1	T2(Phospho); S24(Phospho); T2	3623.71010	T(2): 88.6; T(12): 11.4; S(24): 9	0.002	0.02895		Medium			Medium	Medium		Medium		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17140.1	pleckstrin homology (PH) don	4	11	1	3	3	5															1	3
QTQRQPNLLDDRALDTVMEK	1	AT5G36870.1	T2(Phospho); T16(Phospho)	2531.11905	T(2): 100.0; T(16): 100.0	0.002	0.02489		High									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G36870.1	glucan synthase-like 9	1	1			1	1																
TGPSAMVVEPTMLVMMFPPGESLPSIDLLK	2	AT3G05430.1	T1(Phospho)	3267.58115	T(1): 4.6; S(4): 4.6; T(11): 90.4;	0.002	0.03005		High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05430.1	Tudor/PWWP/MBT superfami	2	3			1	2							1	1								
KSSEVPGELFMVLQEMK	3	AT4G35470.1	S3(Phospho)	2031.95908	S(2): 50.0; S(3): 50.0	0.002	0.02652		Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35470.1	plant intracellular ras group-r	2	4	1	1	1	3																
LGGGANTVADGYSTGTALGAEIIGTFVLVYTVFSATDPKR	1	AT2G16850.1	T7(Phospho)	4070.04087	T(7): 40.8; Y(12): 11.6; S(13): 4	0.002	0.02258		High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16850.1	plasma membrane intrinsic p	1	1			1	1																
EHVLITIFANAGAGSVYAIHVVTVVK	3	AT4G10770.1	T6(Phospho)	2788.49851	T(6): 100.0; S(15): 0.0; Y(17): 0.	0.002	0.03848		High				High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10770.1	oligopeptide transporter 7	1	2											1	2								
GSGGVGASGGAGGNVGAGGGLGGGVGGGVGGSVGGAVGG	2	AT4G01985.1	S2(Phospho)	4471.08755	S(2): 59.1; S(8): 23.0; S(36): 15.	0.002	0.02229			Medium				High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
IIQFATEAAITILR	1	AT3G20050.1	T6(Phospho)	1639.88468	T(6): 98.2; T(11): 1.8	0.002	0.1353			High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G20050.1	T-complex protein 1 alpha su	8	46	3	5	1	2	1	1			2	10	3	7	3	7	1	5	1	2	3	7
LVDLETLELVDR	7	AT5G45790.1	T6(Phospho)	1494.75373	T(6): 100.0	0.002	0.04442		High		Medium				High		High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45790.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hy	1	7					1	1	1	1							1	2			1	3
EAAYELMIASMLLSSFLTNSVEAYPTHR	1	AT4G11670.1	Y4(Phospho); S10(Phospho); S14	3464.39975	Y(4): 100.0; S(10): 100.0; S(14):	0.002	0.07417					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11670.1	Protein of unknown function (	1	1							1	1												
GSGGASGGASGGASGGAGGSVGAGGGVGGGVGGGVGGGVGGV	1	AT4G01985.1	S14(Phospho); S62(Phospho)	4868.14466	S(2): 22.8; S(6): 22.8; S(10): 22.	0.002	0.05765					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
LLILYALSGDLQTAGILFR	1	AT4G16470.1	Y5(Phospho)	2157.24312	Y(5): 100.0; S(8): 0.0; T(13): 0.0	0.002	0.05552					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G16470.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1									1	1										
MFVKSPLNK	11	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1143.56206	S(5): 100.0	0.002	0.04497					High		High			High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166
IISVASIAAGVQFGWALQLSLLTPYVQLLGIPHK	10	AT1G71880.1	S3(Phospho); S6(Phospho); Y25(	3843.96181	S(3): 100.0; S(6): 100.0; S(20): (	0.002	0.03201					Medium	High		High		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G71880.1	sucrose-proton symporter 1	1	5															1	5				

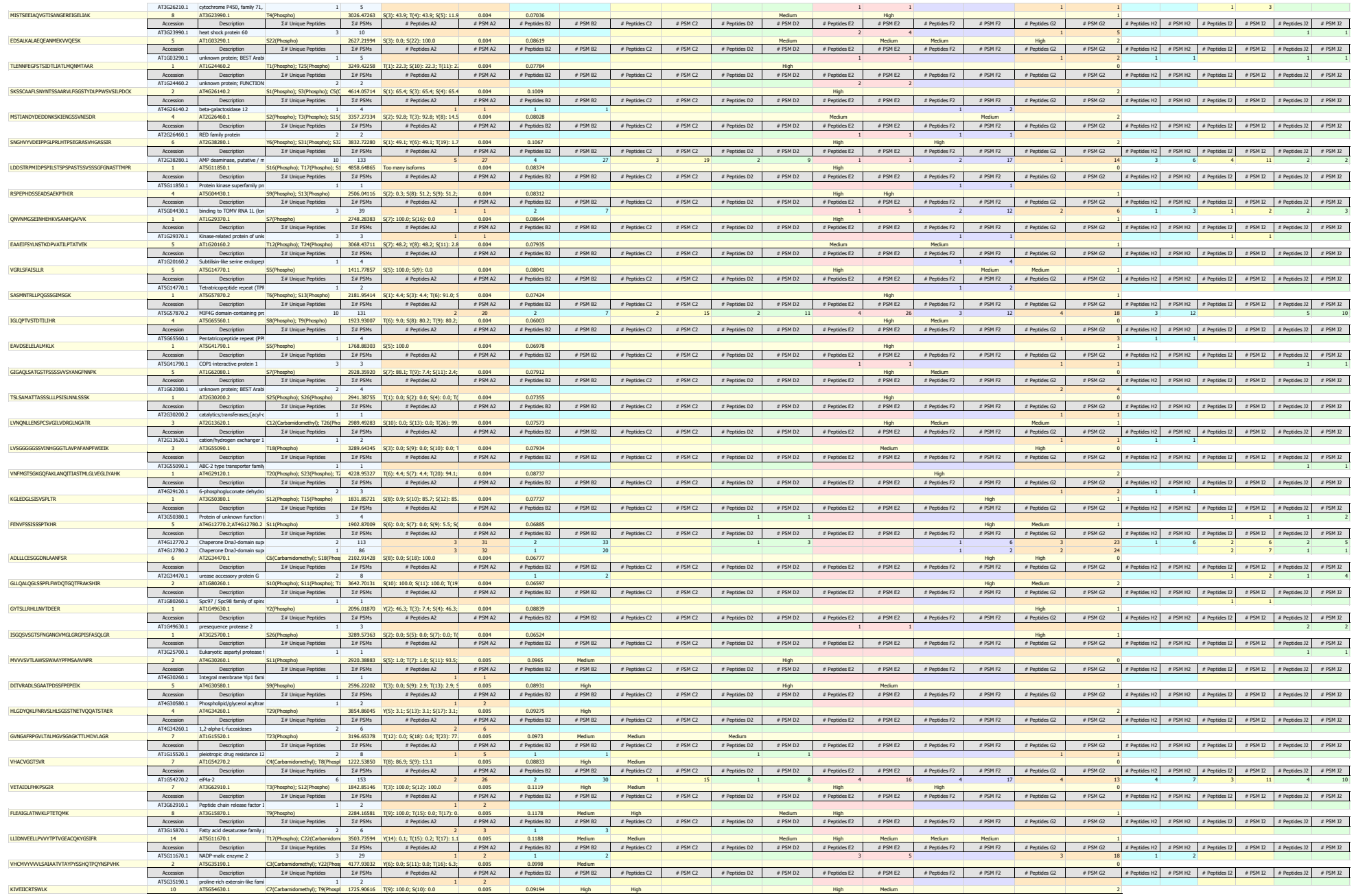
VPYVGDKEPLSSLAAEYQSGSPILEKIK	125	AT1G28120.1	Y17(Phospho); S21(Phospho)	3291.64174	Y(3): 0.0; S(11): 0.7; S(12): 0.7;	0.002	0.02921						Medium	Medium	High	Medium	Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G28120.1	CONTAINS InterPro DOMAIN	1	125									1	11	1	7	1	17	1	6	1	28	1	56
IVEASSGNGSPQLVPLNSVK	2	AT3G09830.1	S10(Phospho)	2076.03293	S(5): 2.1; S(6): 0.3; S(10): 97.6;	0.002	0.03517						High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09830.1	Protein kinase superfamily pr	3	4	1	1	1	1					1	2										
SESEYERKPSYGR	7	AT5G39570.1	S10(Phospho)	1667.70371	S(1): 0.0; S(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(	0.002	0.02383						Medium	Medium	Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G39570.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	10	68	1	3	1	3					1	1	3	8	8	27	1	1	3	10	3	15
LMVCDYYPAGNLSSLLHGNRGSEK	5	AT5G58300.1	C4(Carbamidomethyl); Y6(Phospl	2761.23520	Y(6): 96.3; Y(7): 3.7; S(13): 0.0;	0.002	0.04547						High		Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G58300.1	Leucine-rich repeat protein k	1	3													1	3						
SPIVSAAAFENLVK	1	AT1G64790.1	S5(Phospho)	1525.75962	S(1): 10.3; S(5): 89.7	0.002	0.04154						High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64790.1	ILITYHIA	10	183	5	24	2	21	1	1			7	24	4	30	2	23	2	10	4	20	3	30
RSTILPEYVDSAVRIYNGK	4	AT5G47320.1	T3(Phospho)	2261.13508	S(2): 16.3; T(3): 83.7; Y(8): 0.0;	0.002	0.0399						Medium				High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47320.1	ribosomal protein S19	2	2															1	1			1	1
LELLEHGLPFERSASGLNLDAVNGLGLSQGLELR	5	AT1G27430.1	S28(Phospho)	3697.88926	S(13): 0.0; S(15): 0.0; S(28): 10(	0.002	0.03919						Medium		High	Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27430.1	GYF domain-containing prote	1	3											1	3								
LSSPTGEAEEMEK	4	AT1G09730.2	S3(Phospho)	1487.59294	S(2): 10.2; S(3): 88.5; T(5): 1.3	0.002	0.02708						High			High	High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09730.2	Cysteine proteinases superfar	1	3											1	2					1	1		
MAAMSAVLSLGLGTLRPSHR	1	AT3G13800.1	S18(Phospho)	2148.08292	S(5): 0.0; S(9): 0.0; T(14): 0.1; S	0.002	0.04178						High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13800.1	Metallo-hydrolase/oxidoreduc	1	1											1	1								
NRPSSPFHPSQSRSPPPHAR	5	AT2G20950.1	S12(Phospho)	2319.08689	S(4): 3.7; S(5): 3.7; S(10): 15.9;	0.002	0.02576						Medium	High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-lik	5	88	3	23	1	20					1	1	2	10	3	17	1	2	2	10	1	5
HHESEYGTTHSEDRSPRDSPVSR	12	AT1G20760.1	S15(Phospho)	2746.15827	S(4): 0.0; Y(6): 0.0; T(8): 0.1; T(	0.002	0.03931						Medium	High	High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand fam	6	160	3	24	3	34	1	4	1	1	2	11	4	14	4	38	3	8	2	11	2	15
ELLSELKSEEGDGTPHSSASPFSR	1	AT5G41950.1	S8(Phospho); T14(Phospho)	2720.14359	S(4): 50.0; S(8): 50.0; T(14): 96.	0.002	0.03566						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TP	6	199	4	18	4	29	1	1	1	7	4	24	4	29	5	34	3	12	2	23	3	22
GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGG	1	AT4G01985.1	S2(Phospho); S14(Phospho); S32	4768.99458	S(2): 100.0; S(14): 100.0; S(32):	0.002	0.02975						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
TRSVKDVVDDAK	6	AT1G67230.1	S3(Phospho)	1412.67826	T(1): 9.7; S(3): 90.3	0.002	0.02915						Medium	High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G67230.1	little nuclei1	1	6											1	2	1	4						
HNGNDRNEIDDGSDQDVYRK	5	AT4G06634.2	S13(Phospho)	2426.99428	S(13): 100.0; Y(18): 0.0	0.002	0.03171						High		High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G06634.2	zinc finger (C2H2 type) famil	3	12			1	3							2	2	2	7						
KTGPSAMVVEPTMLVMMFPPGESLPSIDLLKAR	1	AT3G05430.1	S5(Phospho)	3622.80714	T(2): 49.9; S(5): 49.9; T(12): 0.0	0.002	0.0388						High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05430.1	Tudor/PWWP/MBT superfami	2	3			1	2							1	1								
AEEIKNVPEQEVPKVATEESSAEVTDR	3	AT1G76180.1	T17(Phospho)	3064.44521	T(17): 94.2; S(20): 4.6; S(21): 1.	0.002	0.02206								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76180.1	Dehydrin family protein	2	6			1	3									1	3						
IRDSSAETLLSTPWPSRK	2	AT1G32500.1	S16(Phospho)	2124.05014	S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(8): 0.0; S(	0.002	0.03012								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G32500.1	non-intrinsic ABC protein 6	1	2													1	2						
MVLQKLPLIGLLLLLTIVASPANADGPVCPPSNK	2	AT3G09260.1	C29(Carbamidomethyl); S32(Pho	3632.99380	T(16): 0.2; S(20): 2.0; S(32): 97.	0.002	0.01923								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09260.1	Glycosyl hydrolase superfami	1	2													1	2						
SNITERDQISPPKK	3	AT1G80840.1	S10(Phospho)	1692.82743	S(1): 0.0; T(4): 0.0; S(10): 100.0	0.002	0.02882								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G80840.1	WRKY DNA-binding protein 4	1	3													1	3						
EVTVDKEKEEDIIQNIEEVQESPSVMESPTIQGEDIESK	1	AT5G40450.1	S28(Phospho)	4511.09243	T(3): 0.0; S(22): 0.0; S(24): 0.7;	0.002	0.03021								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
RDESLLIDPQRGDTSVSR	1	AT1G03250.1	T14(Phospho)	2124.00913	S(4): 0.0; T(14): 46.5; S(15): 7.0	0.002	0.02342								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G03250.1	unknown protein; Has 89 Bla	1	1													1	1						
NPDGVQRDEDPVTTTPKGK	2	AT5G47690.1	T15(Phospho)	2133.97574	T(13): 10.3; T(14): 10.3; T(15):	0.002	0.03362								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47690.1	binding	2	23	1	5	1	2					1	1	1	5	2	7	1	1			1	2
DESIGALPIDDLIEK	1	AT5G62670.1	S3(Phospho)	1707.82234	S(3): 100.0	0.002	0.01961								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62670.1	H(+)-ATPase 11	1	2													1	1			1	1		
IACFALTQDGHLLATASSK	1	AT3G62770.3	C3(Carbamidomethyl); T7(Phospl	2083.99747	T(7): 100.0; T(15): 0.0; S(17): 0.	0.002	0.0345								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62770.3	Transducin/WD40 repeat-like	1	1													1	1						
KYEPLFDYFSDFSSEAFR	1	AT4G10320.1	S10(Phospho); S14(Phospho)	2407.96524	Y(2): 0.0; Y(8): 0.0; S(10): 97.9;	0.002	0.02687								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10320.1	tRNA synthetase class I (I, L,	1	1													1	1						
LNGRESVSTFEFIESGVVKSLASYLSNGLYQR	2	AT5G02880.1	S8(Phospho)	3630.78110	S(6): 1.8; S(8): 48.7; T(9): 48.7;	0.002	0.05198								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G02880.1	ubiquitin-protein ligase 4	1	2															1	2				
GDGAGSAFATVVQGVPTAAIAPASACARAVHSALVGIRNR	3	AT3G19190.1	S6(Phospho); T17(Phospho); S2	4086.91147	S(6): 64.0; T(10): 64.0; T(17): 6	0.002	0.03319										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19190.1	autophagy 2	1	3															1	3				
LTGSGSSPKRIEGPDGR	1	AT5G57580.1	S8(Phospho)	1880.88407	T(2): 0.0; S(4): 1.4; S(5): 1.4; S(	0.002	0.0334									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57580.1	Calmodulin-binding protein	1	1															1	1				
AVVHHGGAGTTAAGLKASCPTTIVPFFGDQPFWGERVHAR	6	AT3G07020.1	T10(Phospho); C19(Carbamidom	4363.06491	T(10): 41.9; T(11): 41.9; S(18):	0.002	0.05052									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G07020.1	UDP-Glycosyltransferase supe	1	31	1	3			1	8	1	8					1	6	1	6				
SCFIGRSSEQERLTSEPWHEAEILSK	4	AT2G35050.1	C2(Carbamidomethyl); S7(Phospl	3206.45424	S(1): 64.1; S(7): 17.0; S(8): 17.0	0.002	0.02346										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35050.1	Protein kinase superfamily pr	8	211	3	27	4	39	1	5	1	2	2	12	6	27	5	23	3	18	5	26	4	32
TTKKPSPTPQSTTPNPSLPDDLVVSCLARVSR	4	AT4G39550.1	T8(Phospho); C26(Carbamidome	3529.77065	T(1): 0.0; T(2): 0.1; S(6): 0.6; T(	0.002	0.03564										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G39550.1	Galactose oxidase/kelch repe	1	4																	1	4		
AGKSGVATSFLTLHDTEVFYDLKQMLVQSNSAVPPELAR	1	AT2G33730.1	S29(Phospho)	4300.15917	S(4): 0.0; T(8): 0.0; S(9): 0.0; T(	0.002	0.02328										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G33730.1	P-loop containing nucleoside	2	2																	2	2		
SKTPEPSPKIPQTQPMSHR	2	AT2G20960.1	T3(Phospho)	2254.07680	S(1): 85.8; T(3): 14.2; S(7): 0.0;	0.002	0.02107										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
ISFTAKEIDVIEWKGDILVVGVTEK	1	AT2G24200.3	S2(Phospho)	2869.49990	S(2): 50.0; T(4): 50.0; T(23): 0.0	0.002	0.04267										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G43790.1	zinc induced facilitator-like 2	1	11	1	1							1	5	1	1			1	4				
ALDFAGTYGVLVLFGILPAAMSWSDRYIVSSSTVTR	2	AT5G19500.1	Y27(Phospho); S30(Phospho); S3	4103.90151	T(7): 0.0; Y(8): 0.0; S(22): 0.5; S	0.003	0.05618	Medium	High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G19500.1	Tryptophan/tyrosine permeas	1	1	1	1																		
DVNTLVDIGGGLGTILNLVISSK	7	AT5G37170.1	T4(Phospho); S22(Phospho)	2458.22312	T(4): 100.0; T(14): 0.0; S(21): 5	0.003	0.04922		High			Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G37170.1	O-methyltransferase family pr	1	6			1	6																
LSTSLQR	1	AT2G44480.1	S4(Phospho)	884.42223	S(2): 9.8; T(3): 9.8; S(4): 80.5	0.003	0.04792		High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44480.1	beta glucosidase 17	1	1			1	1																
NASTISHSLRPLVR	6	AT2G45290.1	S8(Phospho)	1630.83854	S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 0.2; S(	0.003	0.06363		Medium			High					High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45290.1	Transketolase	1	73	1	13	2	16					2	11	1	4	1	6	1	6	1	6	2	11
VINLSEDIFGGFNSTLR	1	AT3G59100.1	S5(Phospho)	1961.93471	S(5): 100.0; S(14): 0.0; T(15): 0.	0.003	0.04058		High									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G59100.1	glucan synthase-like 11	2	2			1	1							1	1								
TLLLDGTAIK	3	AT5G45200.1	T1(Phospho); T7(Phospho)	1204.56169	T(1): 100.0; T(7): 100.0	0.003	0.04727		Medium			Medium		High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45200.1	Disease resistance protein (TI	2	3			2	2					1	1										
NLTMPPPGVSQSVVTLVKMINEATANIPNWGS	2	AT5G25265.1	T3(Phospho); S10(Phospho); S32	3605.64283	T(3): 94.8; S(10): 58.4; S(12): 2	0.003	0.04607		High			Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G25265.1	unknown protein; FUNCTION	1	1											1	1								
FPAQSSKSSVIIVGAGLSGLAAAR	6	AT3G10390.1	S8(Phospho); S18(Phospho)	2447.20584	S(5): 2.9; S(6): 4.8; S(8): 50.9; S	0.003	0.04485		High			Medium		Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G10390.1	Flavin containing amine oxida	2	5	1	3	1	2																
LIPSLGGDQAESNTR	7	AT1G54710.1	S4(Phospho)	1637.75461	S(4): 100.0; S(12): 0.0; T(14): 0.	0.003	0.04276			Medium	Medium		Medium	High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54710.1	homolog of yeast autophagy	1	4											1	2	1	2						
SLYGLSYPVFITVVDK	13	AT3G19120.1	S1(Phospho)	1880.94797	S(1): 49.4; Y(3): 49.4; S(6): 1.2;	0.003	0.1166			Medium	Medium							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19120.1	PIF / Ping-Pong family of plar	1	13					1	6	1	7												
FLKDHPGGTDSILINAGTDCTEEFEAIHSDK	3	AT1G77760.1	T18(Phospho); C20(Carbamidom	3577.52451	T(9): 82.8; S(11): 74.4; T(18): 2	0.003	0.1816			Medium	Medium							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77760.1	nitrate reductase 1	3	6					1	2	3	4												
ILTQSIAVLLKSFDVKLEVR	7	AT5G51930.1	T3(Phospho); S5(Phospho); S12(	2512.75468	T(3): 100.0; S(5): 100.0; S(12):	0.003	0.1087			High	High							2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51930.1	Glucose-methanol-choline (GI	1	7					1	2	1	5												
SGSFQSESLLGGGGGESINDADFGFARPDFR	1	AT4G26620.1	S1(Phospho)	3257.40891	S(1): 73.3; S(3): 20.4; S(6): 6.0;	0.003	0.09104					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G26620.1	Sucrase/ferredoxin-like family	1	1							1	1												
VHACVGGTSVREDQR	2	AT1G54270.2	C4(Carbamidomethyl); T8(Phospl	1750.76676	T(8): 96.4; S(9): 3.6	0.003	0.05485					Medium				High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54270.2	eIF4a-2	6	153	2	26	2	30	1	15	1	8	4	16	4	17	4	13	4	7	3	11	4	10
TSAMSAAAAASALAGEGTAHMPR	2	AT2G45540.1	T18(Phospho)	2209.27257	T(1): 0.0; S(2): 0.0; S(5): 0.0; S(	0.003	0.05452					High		Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein	13	65	1	1			2	5	1	3	7	21	6	13	2	8	1	4	3	5	3	5
KRTNRPQPSTIQK	1	AT3G50130.1	T3(Phospho); S9(Phospho); T10(	1793.79251	T(3): 100.0; S(9): 100.0; T(10):	0.003	0.05183					High						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G50130.1	Plant protein of unknown fun	1	1									1	1										
LATIAAELEEINKR	4	AT1G12150.1	T3(Phospho)	1650.84244	T(3): 100.0	0.003	0.06142					High		High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G12150.1	Plant protein of unknown fun	1	1													1	1						
SSSGTTIINTEWGGFSK	4	AT1G47840.1	S16(Phospho)	1851.81058	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(3): 0.0; T(	0.003	0.06596					High	Medium	High	Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G47840.1	hexokinase 3	1	2									1	1					1	1				
NGDSIVALHKIDGSSVVK	2	AT3G55650.1	S15(Phospho)	1918.96904	S(4): 0.0; S(14): 11.5; S(15): 88.	0.003	0.05848					High						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G55650.1	Pyruvate kinase family protei	1	2									1	2										
DKGLKPSAATYNILMDAYAR	5	AT5G50280.1	S7(Phospho); Y11(Phospho); Y18	2438.01926	S(7): 50.1; T(10): 50.1; Y(11): 9	0.003	0.05239					High			Medium		High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G50280.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	3																	1	3		
HLGTQAKILALGLSSR	1	AT1G03190.1	T4(Phospho)	1744.93924	T(4): 100.0; S(14): 0.0; S(15): 0.	0.003	0.06291					High						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G03190.1	RAD3-like DNA-binding helica	1	1									1	1										
LVEIIRGADTSEETFLATK	4	AT3G15290.1	S11(Phospho)	2173.08176	T(10): 3.1; S(11): 96.7; T(14): 0.	0.003	0.06185					Medium			Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15290.1	3-hydroxyacyl-CoA dehydroge	1	4									1	1					1	3				
EKPVTDSAANLVISSSGSLLLINGK	3	AT1G61440.1	T5(Phospho); S7(Phospho); S14(	2753.28275	T(5): 50.0; S(7): 50.0; S(14): 50.	0.003	0.05957					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61440.1	S-locus lectin protein kinase f	1	4			1	1					1	3										
LPSPPLSLSLSLQTSPTSLSRNLGK	1	AT1G05810.1	S9(Phospho); S11(Phospho)	2753.37650	S(3): 22.2; S(7): 22.2; S(9): 22.2	0.003	0.06629					High						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G05810.1	RAB GTPase homolog A5E	1	1									1	1										
SLAVFGEAEAVTIAMFDSLFSYMSGSK	6	AT2G17070.1	T12(Phospho); S21(Phospho); S2	3178.23501	S(1): 68.3; T(12): 27.7; S(18): 9.	0.003	0.04217					Medium	Medium	Medium	Medium	Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17070.1	Arabidopsis protein of unkno	1	2															1	1	1	1		
QILSRDSIDTIR	1	AT2G25240.1	S4(Phospho)	1496.75287	S(4): 100.0; S(7): 0.0; T(10): 0.0	0.003	0.06362						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G25240.1	Serine protease inhibitor (SEI	1	1											1	1								
FVSSSSSSSSEEEFRFVSSIQNAILRLDLIPK	7	AT5G28400.1	S18(Phospho)	3639.79841	S(3): 9.5; S(4): 9.5; S(5): 9.5; S(	0.003	0.06362						High		Medium		High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G28400.1	unknown protein; BEST Arabi	1	7											1	3			1	2			1	2
GGARRSIEVEETGHR	1	AT5G53440.1	S6(Phospho)	1733.80605	S(6): 18.1; T(12): 81.9	0.003	0.05237						High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53440.1	unknown protein; FUNCTION	5	94	3	26	3	26					2	3	4	14	3	12	2	7	1	2	3	4
ESFVSKEVFESISLLLRK	2	AT5G45610.1	S2(Phospho); S5(Phospho)	2271.10732	S(2): 99.9; S(5): 99.8; S(11): 0.3	0.003	0.07226						High	Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45610.1	protein dimerizations	2	4	1	2									1	1	1	1						
RPDTESAEHSPAQDEPHKNLLK	1	AT5G58040.1	S6(Phospho); S10(Phospho)	2659.15921	T(4): 4.8; S(6): 95.5; S(10): 99.7	0.003	0.05025						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G58040.1	homolog of yeast FIP1 [V]	2	42	1	4	1	2							2	19	2	16	1	1				
LASVPSGGGVAVSAAPSSGGGGAAAPAEKKEAK	2	AT3G44590.2	S18(Phospho)	2916.45536	S(3): 0.2; S(6): 0.1; S(13): 0.8; S	0.003	0.07246						High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G44590.2	60S acidic ribosomal protein f	1	185	1	46	1	50			1	2	1	19	2	30	1	9			1	11	1	18
EVPSFIQR	2	AT3G08510.1	S4(Phospho)	1055.49089	S(4): 100.0	0.003	0.04853							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G08510.1	phospholipase C 2	6	106	2	17	2	25			1	2	1	10	1	7	4	20	1	5	2	13	1	7
KVKNAQEAHEAIRPTDIR	2	AT4G31210.1	T15(Phospho)	2156.09507	T(15): 100.0	0.003	0.07545							High	High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G31210.1	DNA topoisomerase, type 1A,	3	3															2	2			1	1
TAMVFTIAASVLGQVIGSR	4	AT4G25030.1	T1(Phospho); S18(Phospho)	2080.99326	T(1): 50.0; T(6): 50.0; S(10): 50.	0.003	0.04643							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25030.1	unknown protein; BEST Arabi	1	4													1	4						

FLEAISTGAAGSKSIDLYGDR	2	AT4G29120.1	S6(Phospho); T7(Phospho)	2331.02799	S(6): 98.0; T(7): 96.8; S(12): 2.3	0.003	0.05026							Medium				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT4G29120.1	6-phosphogluconate dehydro	2	3													1	2	1	1							
TTLCKPLLSSSSTR	1	AT3G26900.1	T1(Phospho); T2(Phospho); C4(C	1710.75162	T(1): 98.7; T(2): 98.7; S(9): 0.9;	0.003	0.04596							High				0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT3G26900.1	shikimate kinase like 1	2	9	1	1	1	6					1	1			1	1									
EMIRATPLPMSPLESLASSAVRTANK	1	AT5G08570.1	T23(Phospho)	2850.41616	T(6): 0.0; S(11): 7.0; S(15): 2.2;	0.003	0.04999							High				2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G08570.1	Pyruvate kinase family protei	2	2													1	1					1	1			
KNKLNGSIPNTLR	1	AT3G46400.1	T11(Phospho)	1534.81107	S(7): 0.0; T(11): 100.0	0.003	0.05272							High				2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT3G46400.1	Leucine-rich repeat protein k	1	1													1	1									
SAESGLDKPGVTGTLEVKTYPEISEVVR	1	AT5G60710.1	T12(Phospho)	3041.51504	S(1): 2.6; S(4): 7.1; T(12): 67.7;	0.003	0.05191							High				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G60710.1	Zinc finger (C3HC4-type RING	1	1													1	1									
TGELLSRLSEDTQIKNAATTNLSEALR	1	AT5G39040.1	T20(Phospho); T21(Phospho)	3204.55507	T(1): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; T(	0.003	0.04219							High				2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G39040.1	transporter associated with a	1	1													1	1									
LSAFLQCETTLKAGFAVQIATVSSLLK	2	AT2G34780.1	C7(Carbamidomethyl); T21(Phosp	3056.49918	S(2): 0.0; T(9): 0.1; T(10): 0.8; T	0.003	0.04056							High				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT2G34780.1	maternal effect embryo arrest	2	3									1	1			1	2									
SISMALFSPPISSSLQNPNLIPKISTSLLSTKR	2	AT5G47110.1	S25(Phospho); T26(Phospho)	3687.88003	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(8): 0.0; S(	0.003	0.05482							High		High		2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G47110.1	Chlorophyll A-B binding famil	1	1																			1	1			
FETLSYLPDLSDVELAKEVDYLLR	2	AT5G38410.1	T3(Phospho)	2908.42911	T(3): 9.1; S(5): 9.1; Y(6): 40.9; S	0.003	0.05575							High				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G38410.1	Ribulose bisphosphate carbox	2	966	5	83	7	126	4	48	5	52	7	135	7	83	8	177	8	102	6	66	7	94			
NEEGGNSISTVVLR	2	AT3G03960.1	S9(Phospho)	1554.71372	S(7): 10.2; S(9): 79.7; T(10): 10.	0.003	0.04595							High				0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT3G03960.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam	3	35	1	5	1	6			1	1	1	3	1	3	2	3	1	1	1	6	1	7			
DTVSVSEFILSLLIHSVEDIAQNRLSK	3	AT3G23590.1	T2(Phospho); S11(Phospho)	3155.52683	T(2): 34.0; S(4): 34.0; S(6): 34.0	0.003	0.05264							High				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT3G23590.1	REF4-related 1	1	3													1	3									
LVMEQLISR	1	AT5G43230.1	S8(Phospho)	1168.57744	S(8): 100.0	0.003	0.07449							High				0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G43230.1	unknown protein; BEST Arabi	1	1															1	1							
AGLSMALGAFLAGLLLAETEFSLQVESDIAPYR	1	AT1G01790.1	Y32(Phospho)	3533.77089	S(4): 0.0; T(19): 0.0; S(22): 0.0;	0.003	0.0626							High				0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G01790.1	K+ efflux antiporter 1	4	17	2	10	2	3					1	2					1	1			1	1			
GGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGGGAGGAIGGGASG	1	AT4G01985.1	S42(Phospho)	3459.58021	S(22): 1.4; S(42): 98.6	0.003	0.05568									High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6			
GAPAKSKSSEDIYSR	6	AT2G37550.1	S8(Phospho)	1675.76548	S(6): 75.9; S(8): 12.0; S(9): 12.0	0.003	0.0468									High	High	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT2G37550.1	ARF-GAP domain 7	1	6																	1	2	1	4			
DENLAAPDRTSSLSLFEAQSAPLK	1	AT1G02890.2	S14(Phospho)	2640.24868	T(10): 0.1; S(11): 1.2; S(12): 1.2	0.003	0.05127									High		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G02890.2	AAA-type ATPase family prote	1	1																	1	1					
QNNSSVVGERPVNDKSALASSACTEQINKPTPMLSPVSVK	3	AT4G28080.1	C23(Carbamidomethyl); S35(Pho	4320.08803	S(4): 0.0; S(5): 0.0; S(16): 0.2; S	0.003	0.04784									High		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	30	1288	15	222	12	222	5	14	3	21	13	125	17	164	21	201	11	64	12	89	16	166			
IESRVSDPLTDATGGDFLVGEDRVLR	2	AT2G39950.1	T10(Phospho)	2897.41250	S(3): 0.1; S(6): 0.8; T(10): 82.4;	0.003	0.04469									High		2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT2G39950.1	unknown protein; Has 978 Bl	2	3											1	1							1	2			
LEQAESHLVQSR	2	AT1G71230.1	S6(Phospho)	1476.67984	S(6): 98.1; S(11): 1.9	0.003	0.047									High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G71230.1	COP9-signalosome 5B	1	6	1	3	1	1															1	2			
VRVFNCGHATHLQCPESENETSTSASSIHVSSSGCPVCMTK	1	AT4G00800.1	C6(Carbamidomethyl); C14(Carbo	4868.86850	Too many isoforms	0.003	0.04961									High		1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT4G00800.1	transducin family protein / W	2	2															1	1			1	1			
EAENCDCLQGFQVCHSLGGGTGSGMGTLLISK	1	AT4G20890.1;AT5G62690.1;	C5(Carbamidomethyl); C7(Carbar	3463.50071	S(16): 99.7; T(21): 0.2; S(23): 0.	0.003	0.04976									High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT5G62690.1	tubulin beta chain 2	5	1614	9	228	9	267	5	29	5	36	12	194	10	150	11	189	12	134	13	147	14	240			
	AT5G23860.1	tubulin beta 8	2	1422	8	208	8	245	4	11	2	15	10	173	10	147	10	180	10	125	11	115	11	203			
	AT4G20890.1	tubulin beta-9 chain	2	828	8	103	8	136	3	12	2	15	9	98	8	84	9	94	9	73	10	77	10	136			
	AT1G20010.1	tubulin beta-5 chain	5	1126	8	136	8	182	2	9	3	10	10	145	9	118	9	108	10	72	10	124	12	222			
	AT5G12250.1	beta-6 tubulin	3	1028	9	132	9	183	4	5	3	9	11	131	9	109	10	127	10	84	12	91	12	157			
	AT5G29550.1	tubulin beta-7 chain	2	280	7	188	8	232	2	2	1	2	9	154	7	129	8	167	8	108	8	112	10	186			
	AT1G75780.1	tubulin beta-1 chain	2	379	5	51	5	66	1	1	2	3	6	49	6	45	6	52	5	31	5	28	6	53			
VCLLQTISNVSLQLPAEPAADLADNLLK	1	AT4G15890.1	C2(Carbamidomethyl); S8(Phospl	3086.58689	T(6): 6.2; S(8): 87.7; S(11): 6.2	0.003	0.05482									High		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT4G15890.1	binding	3	3											1	1							2	2			
AQLKALVSIHSQEAGKGGELTHEETMIISGALDLSQK	1	AT1G03270.1	S8(Phospho)	3970.00283	S(8): 98.7; S(11): 1.3; T(21): 0.0	0.003	0.04453									High		2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G03270.1	CBS domain-containing prote	1	1																			1	1			
IQEDITPSKR	15	AT1G47220.1	T6(Phospho)	1266.60239	T(6): 100.0; S(8): 0.0	0.004	0.09658	Medium	Medium				Medium	High	Medium		Medium	High	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G47220.1	Cyclin A3;3	1	13	1	1							1	2	1	1	1	4			1	2	1	3			
NLSLNPTASAAPVTPPK	8	AT1G21380.1	T7(Phospho); S9(Phospho)	1837.85708	S(3): 0.0; T(7): 100.0; S(9): 100.	0.004	0.07447	High	Medium						Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	8	426	6	78	7	72	4	17	3	15	4	35	6	48	6	63	3	24	3	20	4	54			
RGLDYVTESSTLPSSYKPTSVPR	39	AT2G28540.1	T11(Phospho)	2620.25058	Y(5): 23.7; T(7): 23.7; S(9): 5.3;	0.004	0.07512	Medium	Medium			High	Medium		Medium		Medium	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT2G28540.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP	2	40	1	9	1	7					1	5	1	9	1	1	1	2			1	7			
GVSGSSTPVHYK	5	AT2G20950.1	S3(Phospho)	1298.57634	S(3): 3.1; S(5): 93.0; S(6): 3.1; T	0.004	0.06382	High										0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-lik	5	88	3	23	1	20					1	1	2	10	3	17	1	2	2	10	1	5			
LISNEANPDKPDSTDDADESK	9	AT1G53760.1	S3(Phospho); T14(Phospho)	2420.95420	S(3): 100.0; S(13): 12.9; T(14): 6	0.004	0.08057	Medium	Medium			Medium		High				0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G53760.1	unknown protein; FUNCTION	1	2	1	2																					
NLLMTLASRQPIIR	3	AT1G67140.1	S8(Phospho)	1705.91397	T(5): 1.9; S(8): 98.1	0.004	0.05753	High						High				1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G67140.1	HEAT repeat-containing prote	14	51	1	1	2	4	4	9	4	8	2	5	5	11	4	12	1	1							
TLRQIETTKENIR	1	AT1G20960.1	T7(Phospho)	1681.85685	T(1): 0.0; T(7): 99.9; T(8): 0.1	0.004	0.06539	High										2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G20960.1	U5 small nuclear ribonucleop	4	160	3	16	1	28	2	12	2	12	2	15	3	24	2	20	1	7	2	15	1	11			
DSLLKNLAKPLAVASVSSAASFFLFR	5	AT3G46740.1	S15(Phospho); S18(Phospho); S2	2992.43715	S(2): 0.0; S(15): 87.8; S(17): 58.	0.004	0.2007	Medium		High								1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT3G46740.1	translocon at the outer envel	5	46	2	8	2	11	2	14	1	5	1	3	1	1	2	3					1	1			
SSFLVSNPPFLPSLIPR	3	AT1G68890.1	S6(Phospho)	1950.99529	S(1): 0.3; S(2): 0.3; S(6): 98.1; S	0.004	0.07484	High						Medium	Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G68890.1	magnesium ion binding;thiam	3	3					2	2											1	1					
VGDGDTGPNTGGMGAYSPAPVLTK	11	AT1G09830.1	T6(Phospho); T23(Phospho)	2421.99477	T(6): 99.2; T(10): 0.4; Y(16): 0.4	0.004	0.07781	Medium	Medium				Medium	Medium	Medium	High	Medium	0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2			
	AT1G09830.1	Glycinamide ribonucleotide (G	1	7	1	2	1	2									1	3									

KSLSDHIQK	2	AT5G40450.1	S2(Phospho)	1135.55022	S(2): 87.9; S(4): 12.1	0.004	0.07371	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123	
DRSGGGIMGGGGSSR	10	AT2G44680.2	S3(Phospho)	1430.57964	S(3): 100.0; S(13): 0.0; S(14): 0.	0.004	0.06789	High	Medium				Medium				Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G44680.2	casein kinase II beta subunit	1	5	1	5																			
LLSNAAVVPSPNLR	1	AT1G14850.1	S10(Phospho)	1530.80207	S(3): 0.0; S(10): 100.0	0.004	0.07854	High										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G14850.1	nucleoporin 155	1	1	1	1																			
MGISPDVITFSALIDVYGK	16	AT1G06580.1	S4(Phospho); S11(Phospho)	2185.98117	S(4): 100.0; T(9): 3.4; S(11): 96.	0.004	0.08153	Medium	Medium	Medium			Medium	Medium	High		Medium	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G06580.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	6	1	2											1	1					1	3	
EATKVISNGGGGEAADAMSEMVK	2	AT3G06868.1	T3(Phospho)	2332.02243	T(3): 98.0; S(7): 2.0; S(19): 0.0	0.004	0.07634	High					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G06868.1	unknown protein; FUNCTION	1	1	1	1																			
KINLGYSSNLK	1	AT5G40910.1	S8(Phospho)	1316.65532	Y(6): 1.3; S(7): 10.1; S(8): 88.7	0.004	0.06194	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G40910.1	Disease resistance protein (TI	2	4	1	1	1	3																	
LNGKFAEEEMQMAYLAK	2	AT2G28250.1	Y15(Phospho)	2165.99082	Y(15): 100.0	0.004	0.05965	Medium	High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G28250.1	Protein kinase superfamily pr	1	1	1	1																			
RGTIGLEYYGR	13	AT4G17770.1	T3(Phospho)	1364.62827	T(3): 100.0; Y(8): 0.0; Y(9): 0.0	0.004	0.09152	Medium				Medium	High	Medium		Medium	High	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G17770.1	trehalose phosphatase/synthe	1	13	1	1							1	1	1	2	1	2			1	3	1	4	
MSATQTQTHGPHSLAFRVMR	11	AT2G47960.1	T8(Phospho); S13(Phospho)	2416.03269	S(2): 0.8; T(4): 0.8; T(6): 3.3; T(	0.004	0.07795	Medium	Medium				High	Medium	High	Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G47960.1	unknown protein; CONTAINS	1	11	1	1	1	3							1	1	1	2			1	1	1	3	
AFALADLAMADETIVSGSCGTTALTALIIGR	6	AT1G48040.1	S16(Phospho); C19(Carbamidom	3189.56264	T(13): 0.1; S(16): 94.9; S(18): 0.	0.004	0.08008	High	High	High			Medium		Medium		Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G48040.1	Protein phosphatase 2C famil	1	1			1	1																	
GQGHSLNGQASVSGGVIVNMTCITDVVVSKDK	2	AT2G19500.1	S5(Phospho); C22(Carbamidomet	3337.59170	S(5): 100.0; S(11): 0.0; S(13): 0.	0.004	0.07087	High					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G19500.1	cytokinin oxidase 2	1	1	1	1																			
RLSMAAIKGLDVDIQLLDSFTENLTPLLTDK	3	AT4G02350.1	S3(Phospho); T21(Phospho); T2	3670.74575	S(3): 99.0; S(19): 3.6; T(21): 94.	0.004	0.0793	Medium						High			Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G02350.1	exocyst complex component :	2	3	1	1							1	1	1	1									
SSSIVVMKSAAPVSTSPLPQNVTLPNVK	1	AT3G02170.1	T23(Phospho)	2931.51479	S(1): 1.2; S(2): 1.2; S(3): 1.2; S(	0.004	0.06501	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G02170.1	longifolia2	1	1	1	1																			
TRSSPELTETHGEALLQSR	1	AT3G61690.1	T8(Phospho)	2192.03318	T(1): 14.3; S(3): 56.6; S(4): 14.3	0.004	0.06121	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G61690.1	nucleotidyltransferases	2	2	1	1											1	1							
APGTAMEFSLAIVEKFYGREK	4	AT3G14990.1	Y17(Phospho)	2424.17832	T(4): 0.0; S(9): 0.0; Y(17): 100.0	0.004	0.06396	High				Medium	Medium			Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G14990.1	Class I glutamine amidotrans	2	18	1	1					1	1			1	1			1	1	2	7	1	7	
TIRVFMVLMVSANGAAETLTLAPDFIK	2	AT2G36910.1	T1(Phospho); S11(Phospho)	3068.48134	T(1): 100.0; S(11): 99.9; T(18): (	0.004	0.06533	High						High				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G36910.1	ATP binding cassette subfami	1	1	1	1																			
NIPCFLFTVLTILLIAITSQGAGEFLGASVLSIK	1	AT3G13220.1	C4(Carbamidomethyl); T11(Phosp	3846.91733	T(8): 5.6; T(11): 94.5; T(18): 99.	0.004	0.07553	High										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G13220.1	ABC-2 type transporter family	1	1	1	1																			
ETIVCAPTNSAIAEVVSRFEFSTLFYGTSILER	1	AT5G37160.1	C5(Carbamidomethyl); Y26(Phosp	3787.82444	T(2): 0.0; T(8): 0.0; S(10): 0.0; S	0.004	0.06827	High											1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G37160.1	P-loop containing nucleoside	1	1	1	1																			
ALPTLFNVTLNTLESILGFFHLLPSKRK	5	AT1G66950.1	T12(Phospho); S25(Phospho)	3329.74619	T(4): 0.1; T(9): 0.3; T(12): 1.6; S	0.004	0.07941	High				Medium						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G66950.1	pleiotropic drug resistance 11	1	5			1	2					1	3											
GSIVCTTSVAAEIAGTAPHGYTTSKHGLLGLIK	2	AT2G47140.1	C5(Carbamidomethyl); T7(Phospl	3550.64527	S(2): 61.4; T(6): 18.7; T(7): 18.7	0.004	0.07281	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G47140.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	2	4			1	2													1	2			
VLRQSTGDHLVLELGMNFLAADDMSAILAVKLR	1	AT1G53590.1	S5(Phospho); T6(Phospho)	3871.89328	S(5): 66.7; T(6): 66.7; S(26): 66.	0.004	0.06558	High										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G53590.1	Calcium-dependent lipid-bind	1	1			1	1																	
GGETIKNMQTKSR	3	AT1G33680.1	T10(Phospho)	1529.70664	T(4): 0.0; T(10): 99.9; S(12): 0.1	0.004	0.05943	Medium						High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G33680.1	KH domain-containing protein	3	136	2	27	2	14	2	17	2	9	1	8	2	7	3	16	2	2	1	13	2	23	
MIDEDTKPMICPSSGVHIVLPDYYSPEGMGLIVPKTK	1	AT3G10370.1	T6(Phospho); C11(Carbamidomet	4198.00551	T(6): 99.3; S(13): 0.2; S(14): 0.2	0.004	0.07753	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G10370.1	FAD-dependent oxidoreducta	2	2			1	1					1	1											
WPLGWPLGGFPGPQGPYYCAVGADK	1	AT1G48470.1	Y17(Phospho); Y18(Phospho); C1	2850.23581	Y(17): 100.0; Y(18): 100.0	0.004	0.06065	High										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G48470.1	glutamine synthetase 1;5	1	1			1	1																	
VLEWDKLCDVVASFAR	1	AT5G54090.1	C8(Carbamidomethyl); S13(Phosp	1987.94254	S(13): 100.0	0.004	0.08138		High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G54090.1	DNA mismatch repair protein	1	1			1	1																	
SEADAMFLSEVGILENYFGSGDEVSRFFK	1	AT3G44710.1	S1(Phospho); S20(Phospho)	3404.44809	S(1): 27.3; S(9): 71.7; Y(17): 2.2	0.004	0.2031			High								1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G44710.1	Plant protein of unknown fun	1	1					1	1							1	1							
GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGG	6	AT4G01985.1	S14(Phospho); S32(Phospho)	4609.04409	S(2): 24.1; S(14): 55.6; S(32): 46	0.004	0.06214			Medium				High	High			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6	
FPLVYGKSAALSLSQAK	3	AT5G59130.2	Y5(Phospho)	1859.96636	Y(5): 96.6; S(8): 3.1; S(12): 0.1;	0.004	0.07864			High				Medium			High	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G59130.2	Subtilase family protein	2	2													2	2							
MLLSALGVGVGVGVGLGLASGQAVGKWAGGNSSSNNAVTADK	2	AT1G64110.1	S20(Phospho)	3949.97329	S(4): 0.5; S(20): 77.8; S(32): 4.9	0.004	0.1331				High		High					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G64110.1	P-loop containing nucleoside	1	2							1	1					1	1							
MMSVRAINGCSIIRTATSAGGPPVSLFR	5	AT5G02250.1	C10(Carbamidomethyl); S18(Pho	3029.48549	S(3): 0.0; S(11): 13.5; T(15): 13.	0.004	0.06926					Medium	High	Medium		Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G02250.1	Ribonuclease II/R family prot	1	1											1	1									
LNSSGSGSGVLSTSVSLTNGSSSVYPSAITQKTGAGGETLVEVGRSI	1	AT3G58560.1	S6(Phospho); S8(Phospho); S12(	4754.19467	Too many isoforms	0.004	0.0837					High						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G58560.1	DNAse I-like superfamily prot	4	9									1	1	1	1			1	1	1	1	2	5	
GTLEEKVMSLQK	12	AT3G54280.1	S9(Phospho)	1442.70036	T(2): 0.0; S(9): 100.0	0.004	0.08188					Medium			Medium	Medium	High	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G54280.1	DNA binding;ATP binding;nuc	1	2									1	2											
LSKVSPSGELNR	6	AT1G16800.1	S7(Phospho)	1479.76297	S(2): 46.8; S(5): 6.4; S(7): 46.8	0.004	0.06462					Medium					High	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G16800.1	P-loop containing nucleoside	1	3									1	3											
RLGLFDLILLGVGASIGAGVFVVTGTVAR	11	AT1G05940.1	S15(Phospho); T24(Phospho)	3031.61269	S(15): 98.4; T(24): 50.8; T(26):	0.004	0.08632					Medium				Medium	Medium	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G05940.1	cationic amino acid transporte	1	10																	1	5	1	5	
IHGPVMQLQLGYVPLVISSNQAAEEVLK	12	AT3G26210.1	Y12(Phospho); S20(Phospho)	3292.63442	Y(12): 100.0; S(19): 22.4; S(20):	0.004	0.07493					High		Medium	Medium	Medium	Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	



	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G54630.1	zinc finger protein-related	1	8	1	3	1	5																
MEPEELMLSTEVIGQRDSWDLSDRER	4	AT5GS8140.4	S9(Phospho)	3201.42405	S(9): 30.5; T(10): 30.5; S(18): 8.	0.005	0.09754	High										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5GS8140.4	phototropin 2	2	10	2	5	1	2											1	1			1	2
LYQIGISVAVLVAIIISSTVTIAIHSRK	4	AT3G14300.1	Y2(Phospho)	3045.75649	Y(2): 100.0; S(7): 0.0; S(17): 0.0	0.005	0.09394	High	Medium				Medium			Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14300.1	pectinesterase family protein	1	3	1	1	1	1													1	1		
GDLSKSEQEAPK	7	AT3GS5020.1	S6(Phospho)	1368.60605	S(4): 0.1; S(6): 99.9	0.005	0.08508		Medium			High		Medium	Medium	High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G55020.1	Ypt/Rab-GAP domain of gyp1	2	38	1	9	2	6			1	1	1	1	1	9	2	6	2	3	1	3		
SLSQLGNLINILAEISQTGKPRHIPYRDSR	6	AT4G14150.1	S1(Phospho); S16(Phospho); S25	3616.73984	S(1): 52.2; S(3): 52.2; S(16): 80.	0.005	0.09714		High									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G14150.1	phragmoplast-associated kine	1	6			1	6																
QFYTSYEQHLSLLLASTDADVVEACLQTLAAFLKRPTGK	1	AT1G70320.1	S16(Phospho); T17(Phospho); C2	4545.18271	Y(3): 21.8; T(4): 21.8; S(5): 21.8	0.005	0.0982		High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G70320.1	ubiquitin-protein ligase 2	6	36	1	7	2	12	1	5	2	3	1	1	3	5	2	2			1	1		
SAMKIYSGLFPLKNGEGVLSR	4	AT5G22760.1	S7(Phospho)	2347.18760	S(1): 0.0; Y(6): 15.0; S(7): 84.9;	0.005	0.1155		Medium			High		Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G22760.1	PHD finger family protein	1	4			1	2							1	1	1	1						
TCNNILAMTKPLHAKVPPFIGDTNLNLSWK	1	AT2G34040.1	T1(Phospho); C2(Carbamidomeths	3553.70981	T(1): 100.0; T(9): 0.0; T(23): 0.0	0.005	0.09309		High									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34040.1	Apoptosis inhibitory protein 5	1	1			1	1																
NHIYTSGASGTNAAVIRGALRAERPELLTVILPQSLK	8	AT2G43945.1	S9(Phospho); S35(Phospho)	4077.09218	Y(4): 1.5; T(5): 3.6; S(6): 3.6; S(	0.005	0.09344		Medium					High	Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43945.1	unknown protein; LOCATED I	3	105	2	11	3	16					2	21	2	16	3	18	3	20			2	3
TPDIVTYNVLAGGLATNGLAQEAFETLK	3	AT1G13800.1	T1(Phospho); T16(Phospho)	3078.48403	T(1): 76.3; Y(7): 26.6; T(16): 96.	0.005	0.1151		Medium			Medium	High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13800.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1									1	1										
VTLSSLASAVSAKK	4	AT1G17220.1	S4(Phospho)	1441.77079	T(2): 0.5; S(4): 72.9; S(5): 12.2;	0.005	0.2226			Medium	Medium							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17220.1	Translation initiation factor 2,	4	10	2	3	1	1	1	3	2	2											1	1
ITAAVSALVIGSITHGVITLER	5	AT4G00450.1	T2(Phospho); S12(Phospho)	2381.23020	T(2): 96.6; S(6): 3.5; S(12): 99.1	0.005	0.1773			High	High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00450.1	RNA polymerase II transcripti	1	5					1	1	1	4												
DDYQIVSLTGMGGLGKTTLAR	1	AT1G58410.1	T9(Phospho)	2276.11008	Y(3): 44.9; S(7): 44.9; T(9): 10.2	0.005	0.2386			High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G58410.1	Disease resistance protein (O	1	1					1	1														
ISAHEALCHPWIVDEQAAPDKPLDPAVLSRLKQFSQMNK	2	AT1G35670.1	S2(Phospho); C8(Carbamidomeths	4600.19748	S(2): 64.1; S(29): 67.9; S(35): 67	0.005	0.2232			High								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G35670.1	calcium-dependent protein ki	1	2					1	2														
QAYQVELETLAAK	1	AT1G03970.1	Y3(Phospho)	1543.73508	Y(3): 100.0; T(9): 0.0	0.005	0.1834				High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G03970.1	G-box binding factor 4	1	1							1	1												
EMPTPQSFPMNGGDGPHSYIHNSSYQK	1	AT5G37990.1	S8(Phospho)	3233.35178	T(4): 26.5; S(8): 72.6; S(19): 0.3	0.005	0.172				High							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G37990.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	1							1	1												
EGEATLATNNTGKPSVSVMGVGTNVQSEVLFTTK	7	AT1G62210.1	T32(Phospho); T33(Phospho)	3626.68686	T(5): 0.0; T(8): 0.0; T(11): 0.2; S	0.005	0.1586				Medium		Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G62210.1	unknown protein; FUNCTION	1	4											1	4								
VGLINSTDDLAGPAVSGTSLLDEEESR	1	AT3G17850.1	S6(Phospho)	2825.31589	S(6): 82.4; T(7): 17.6; S(16): 0.0	0.005	0.09898					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G17850.1	Protein kinase superfamily pr	2	12	1	1	1	1					1	1	1	6	1	1					1	3
SVSTLNLVSGVSAAAGGAGGSSK	9	AT4G17280.1	S22(Phospho)	2056.99892	S(1): 0.0; S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(	0.005	0.1029					Medium			Medium	High		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17280.1	Auxin-responsive family prote	1	5									1	1							1	4		
VAGSSTSAEPAAPASLGLAAGPTILETVK	5	AT4G04950.1	T6(Phospho); S7(Phospho)	2826.34780	S(4): 32.4; S(5): 32.4; T(6): 67.5	0.005	0.0957					Medium		High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Pestides J2	# PSM J2
	AT4G04950.1	thioredoxin family protein	2	6	1	1							1	2			1	3						
TLKMMGTHGLTFAAIGGVYIGVEQLVQNFR	1	AT2G42210.1	T1(Phospho); T7(Phospho)	3411.64370	T(1): 99.7; T(7): 97.6; T(11): 2.7	0.005	0.1032					High						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G42210.1	Mitochondrial import inner me	1	1									1	1										
DLYSDIDDFGISETEGSSLLGSEDASLDIR	1	AT5G65960.1	S4(Phospho)	3299.45234	Y(3): 83.8; S(4): 16.2; S(12): 0.0	0.005	0.1024					High						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65960.1	GTP binding	4	33			1	1					1	1	2	12	2	15	1	1			1	3
REAALSPLKNMDLSSR	2	AT3G53930.1	S14(Phospho)	1867.90627	S(6): 33.3; S(14): 33.3; S(15): 33	0.005	0.08649					High						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G53930.1	Protein kinase superfamily pr	1	2									1	2										
GDVSALKPTIMTAVPAILDR	1	AT2G04350.1	T12(Phospho)	2148.11406	S(4): 0.0; T(9): 0.1; T(12): 99.8	0.005	0.1203						High					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G04350.1	AMP-dependent synthetase a	3	8	1	3			1	2			1	2	1	1								
TGGTSSDGFVTTQIGHGRTIDPSQPVASQETGISLYAISEER	6	AT3G05670.1	S5(Phospho); Y36(Phospho)	4510.04799	T(1): 15.1; T(4): 15.1; S(5): 15.1	0.005	0.1281						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05670.1	RING/U-box protein	1	6											1	6								
SSEKKDQSDEDEEEEMKPILVEGFV	2	AT1G15230.1	S8(Phospho)	2977.27970	S(1): 3.3; S(2): 3.3; S(8): 93.3	0.005	0.1149						High					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15230.1	unknown protein; FUNCTION	5	16	3	5	2	5					1	1	2	5								
SLTVVSSVLSEDRATNVSGSGTDAFK	2	AT1G29700.1	S1(Phospho)	2707.27915	S(1): 49.7; T(3): 49.7; S(6): 0.2;	0.005	0.1246						High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29700.1	Metallo-hydrolase/oxidoreduc	2	3											1	2	1	1						
STSEDKPEIISR	6	AT2G44060.1	T2(Phospho)	1441.64774	S(1): 33.3; T(2): 33.3; S(3): 33.3	0.005	0.1023							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44060.1	Late embryogenesis abundan	6	67	1	2	1	2	1	1			2	8	4	24	5	25	2	5				
AFMPEHGGGGEASIGDGSVK	3	AT5G09900.3	S18(Phospho)	1982.82961	S(13): 0.0; S(18): 100.0	0.005	0.1006							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G09900.3	26S proteasome regulatory s	1	79	2	3	4	1	10	1	9	3	12	4	5	3	7	3	5	2	9	2	15	
IGKNVVIANADGVEEGDRPEEGFHIRSGITVVLK	1	AT1G27680.1	T30(Phospho)	3698.88955	S(27): 2.3; T(30): 97.7	0.005	0.1048							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27680.1	ADPGLC-PPase large subunit	1	1													1	1						
LETYAESKKVLNK	1	AT4G03430.1	Y4(Phospho)	1602.81351	T(3): 1.1; Y(4): 89.5; S(7): 9.4	0.005	0.1014							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G03430.1	pre-mRNA splicing factor-rela	1	1													1	1						
KQSKTSFSVPSPK	1	AT1G42550.1	S3(Phospho); S11(Phospho)	1580.70964	S(3): 99.4; T(5): 85.8; S(6): 14.6	0.005	0.1004							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	8	118	5	18	2	9	1	4	1	7	1	5	5	17	4	20	1	3	3	16	4	19
ITGGGSGGTVCVIGKSSLRSSEQILQIQQK	1	AT3G42850.1	T2(Phospho); S6(Phospho); T9(P	3408.93966	T(2): 98.5; S(6): 89.5; T(9): 89.8	0.005	0.08796								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G42850.1	Mevalonate/galactokinase fan	2	3													1	1					1	2
TLTFPFETIGMGSEGKPITLDIPHKLSLK	3	AT3G54150.1	S13(Phospho); T19(Phospho)	3330.65366	T(1): 33.3; T(3): 33.3; T(8): 33.3	0.005	0.08589							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54150.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	3													1	3						
WGVNVQPYSCTSANFAVYTGLLPGER	2	AT1G36370.1	C10(Carbamidomethyl); Y18(Pho	3079.43039	Y(8): 4.2; S(9): 4.2; T(11): 1.1; S	0.005	0.1188								High		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G36370.1	serine hydroxymethyltransfer	1	1																			1	1

| | | |

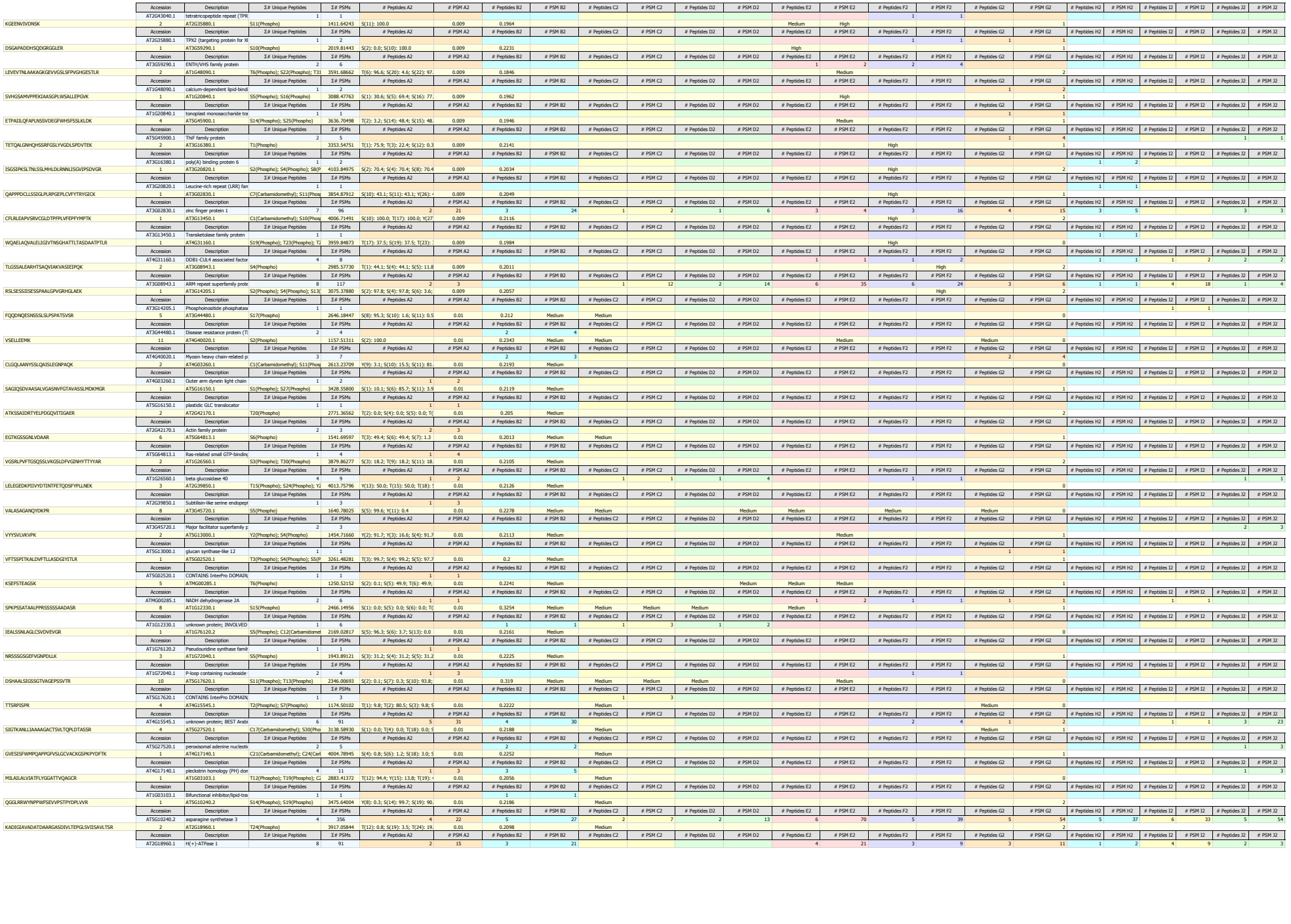
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G06670.1	P-loop containing nucleoside	1	2													1	1					1	1
TGTLTCNQMDFLKCSIAGTSYGVR	3	AT1G17500.1	C6(Carbamidomethyl); C14(Carbi	2760.22207	T(1): 0.0; T(3): 0.0; T(5): 0.0; S(	0.006	0.107							High				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17500.1	ATPase E1-E2 type family pro	1	3													1	3						
VWTDKEIEIAEVVADQVAVAISHASVLEESQLMR	2	AT3G04580.1	S22(Phospho); S25(Phospho); S3	4005.84878	T(3): 17.7; S(22): 83.3; S(25): 9	0.006	0.1257							Medium		High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04580.1	Signal transduction histidine	1	1																	1	1		
ETNLRCLRVASSLSSIGIGR	1	AT5G16370.1	C6(Carbamidomethyl); S11(Phos	2349.11294	T(2): 5.7; S(11): 75.6; S(12): 22.	0.006	0.144								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16370.1	acyl activating enzyme 5	2	30	1	1	1	3					1	1	1	1	1	3	2	6	1	5	1	10
TYTTVVPVNAVSLSPLLNHVVLGGGQDASAVTTTDHR	2	AT2G46280.1	T33(Phospho)	3869.95527	T(1): 0.1; Y(2): 0.1; T(3): 0.1; T(	0.006	0.1481								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46280.1	TGF-beta receptor interacting	2	7	1	1	1	4											1	2				
NPALSAAGGLGLVLAMLVETLLFIIKTSKDDQIQSSK	3	AT5G52980.1	S5(Phospho); T21(Phospho); S3(	4275.05874	S(5): 100.0; T(21): 99.8; T(28):	0.006	0.1391									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52980.1	CONTAINS InterPro DOMAIN	1	3																	1	3		
SLSASGSFRNDSTPKAAQR	2	AT1G07110.1	S7(Phospho); S12(Phospho)	2139.91898	S(1): 0.8; S(3): 3.3; S(5): 15.5; S	0.006	0.1231									Medium	High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14	350	6	54	6	53	2	6			8	39	6	35	7	66	5	26	12	36	10	35
QLVRTNVPTNEQIASLNLK	1	AT3G09560.2	S15(Phospho)	2218.17112	T(5): 0.0; T(9): 0.2; S(15): 99.8	0.006	0.1274									High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09560.2	Lipin family protein	4	119	2	16	2	22	2	8	2	9	2	14	2	22	2	12	1	2	2	10	1	4
KFGQSPVFVASAVLQNGGVPRNASPACLLR	1	AT4G39350.1	S24(Phospho); C27(Carbamidom	3220.65260	S(5): 0.0; S(11): 0.0; S(24): 100.	0.006	0.1288										High	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G39350.1	cellulose synthase A2	1	1																			1	1
SNQKPVGHNPGVIGTPTK	1	AT3G13990.2	T15(Phospho)	1910.94815	S(1): 0.0; T(15): 50.0; T(17): 50.	0.007	0.128	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13990.2	Kinase-related protein of unkı	5	16	3	5	1	1	2	2	1	2			1	2	2	3					1	1
GSSIFDDLIPGFGRTSSPPAK	43	AT4G12770.2	S16(Phospho); S17(Phospho)	2309.01285	S(2): 0.0; S(3): 0.0; T(15): 17.6;	0.007	0.1309	Medium	Medium		Medium		High	Medium	Medium	Medium	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain supe	2	113	3	31	2	33			1	3			1	6	3	23	1	6	2	6	2	5
KDLGIDLGGIGIGLGVLGIGIGLGGGSGSGAGAGSGSGSGSR	4	AT4G30450.1	S36(Phospho); S40(Phospho)	3557.71833	S(26): 3.2; S(28): 3.2; S(34): 77.	0.007	0.1407	High					High					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G30450.1	glycine-rich protein	3	9	1	1			1	1			1	1	2	5							1	1
VSFGTALIASIVIVYTSIIALLSSK	3	AT5G03900.1	S10(Phospho); Y15(Phospho); T1	2966.34382	S(2): 0.2; T(5): 0.1; S(10): 99.9;	0.007	0.15	Medium									High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03900.1	Iron-sulphur cluster biosynth	1	2	1	2																		
ITNLQNVLFFCLIFVGGARMPTDASPNIIR	1	AT4G16560.1	T2(Phospho); C11(Carbamidomet	3457.75632	T(2): 100.0; T(22): 0.0; S(25): 0.	0.007	0.1297	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G16560.1	HSP20-like chaperone	1	1	1	1																		
NLNGGGSGSGSGSGSGSVSGGSGSGGSGSGSGGSGSGSGSGGR	1	AT5G33390.1	S7(Phospho); S9(Phospho); S10(	3815.04599	Too many isoforms	0.007	0.1321	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G33390.1	glycine-rich protein	1	2	1	1											1	1						
SDEEILTAADEVPTIDLLR	2	AT3G09580.1	T7(Phospho)	2180.03830	S(1): 17.2; T(7): 82.8; T(14): 0.0	0.007	0.1716	Medium							High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09580.1	FAD/NAD(P)-binding oxidored	1	1	1	1																		
NSPMGFGSESGAELEKEFDQK	1	AT5G52310.1	S8(Phospho)	2366.99228	S(2): 0.0; S(8): 99.9; S(10): 0.0	0.007	0.1411	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
TEDGLSTAAAASGSTAVQSSPPTDRPVR	1	AT2G32260.1	T7(Phospho)	2809.29160	T(1): 3.8; S(6): 47.3; T(7): 47.3;	0.007	0.1241	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32260.1	phosphorylcholine cytidylyltra	5	74	2	17	3	21					2	3	3	11	2	16	2	5	1	1		
ELGYPLSTLVTFPTCLK	1	AT5G06810.1	T14(Phospho); C15(Carbamidom	2018.98075	Y(4): 8.0; S(7): 30.4; T(8): 30.4;	0.007	0.1405	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G06810.1	Mitochondrial transcription te	1	1	1	1																		
VGDAVTFYKSAFGAIESGHSLYPK	4	AT5G48480.1	S17(Phospho); Y22(Phospho)	2704.21561	T(6): 0.0; Y(8): 0.0; S(10): 0.0; S	0.007	0.1297	High	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G48480.1	Lactoylglutathione lyase / gly	1	3	1	3																		
SGVAVVALLAMVHVVSVVPFIMLHGISAQCSNAR	1	AT5G47330.1	S28(Phospho); C31(Carbamidom	3779.87290	S(1): 3.3; S(16): 8.5; S(18): 8.0;	0.007	0.1288	High										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47330.1	alpha/beta-Hydrolases superf	1	1	1	1																		
RMSENVVPSGR	1	AT3G45780.1	S3(Phospho)	1311.58403	S(3): 100.0; S(9): 0.0	0.007	0.1355	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45780.1	phototropin 1	8	289	8	68	6	69					3	23	4	16	5	43	4	21	3	22	5	27
LSYEQFGAFLGNVKDLNAHKQTR	1	AT4G15545.1	T22(Phospho)	2716.30954	S(2): 0.0; Y(3): 0.0; T(22): 100.0	0.007	0.1253	High										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabi	6	91	5	31	4	30							2	4	1	2			1	1	3	23
LIQGSYNNQLLRLAEDLGKR	1	AT1G27520.1	S5(Phospho); Y6(Phospho)	2461.19130	S(5): 100.0; Y(6): 100.0	0.007	0.1405			High								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27520.1	Glycosyl hydrolase family 47 p	1	1	1	1	1	1																
EEVTTETVTDLVR	4	AT1G13360.3	T4(Phospho); T9(Phospho)	1651.68161	T(4): 75.4; T(5): 75.4; T(7): 34.8	0.007	0.1346		Medium						Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13360.3	unknown protein; FUNCTION	2	79	1	16	2	18			1	2	1	2	1	6	1	9	2	4	1	9	1	13
NRPKGEQKLLEWVRPYLSDTR	1	AT3G09830.1	S18(Phospho)	2665.35624	Y(16): 4.3; S(18): 91.4; T(20): 4.	0.007	0.1341			High								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09830.1	Protein kinase superfamily pr	3	4	1	1	1	1					1	2										
EVPLGAASKLSSLVNTTKPIEGFGLLQHESK	1	AT1G42440.1	S8(Phospho); S11(Phospho); S12	3474.69399	S(8): 50.0; S(11): 50.0; S(12): 5(	0.007	0.1506	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42440.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	2	2			1	1									1	1						
SMPVANSVSSTVPPHHLSHAISAPTASDQTVKPSAK	4	AT2G33540.1	S9(Phospho)	3829.89698	S(1): 0.0; S(7): 8.3; S(9): 30.3; S	0.007	0.1422		Medium					Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G33540.1	C-terminal domain phosphata	3	6	1	1	2	4									1	1						
LKESNNIIAK	7	AT3G06420.1	S4(Phospho)	1209.62345	S(4): 100.0	0.007	0.1502			High				High			Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06420.1	Ubiquitin-like superfamily pro	1	2													1	2						
FDKKTMGKPSGVASK	1	AT1G70620.3	T5(Phospho)	1660.81272	T(5): 99.9; S(10): 0.1; S(14): 0.0	0.007	0.1338			High								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G70620.3	cyclin-related	2	2			2	2																
YLLAHIKGNVSVILHK	1	AT1G13770.2	Y1(Phospho); S11(Phospho)	1965.01773	Y(1): 100.0; S(11): 100.0	0.007	0.1384			High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13770.2	Protein of unknown function,	1	1			1	1																
VLDMGVLLTEAYLDTVGDPDKYR	1	AT2G25100.2	T9(Phospho)	2663.25820	T(9): 90.1; Y(12): 9.1; T(15): 0.6	0.007	0.1488			High								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G25100.2	Polynucleotidyl transferase, ri	1	1			1	1																
IKSPSATTAAAPPAK	1	AT1G61730.1	S3(Phospho)	1490.76055	S(3): 93.3; S(5): 3.0; T(7): 0.6; T	0.007	0.1453	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61730.1	DNA-binding storekeeper prot	1	1			1	1																
SRPFVVIDLRNLR	2	AT5G44410.1	S1(Phospho)	1664.89507	S(1): 100.0	0.007	0.2306			Medium	High							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G44410.1	FAD-binding Berberine family	1	2					1	1	1	1												
SSSSSSSSSSSSSSSGSGGSAGSSAGSFAGSR	1	AT4G30450.1	S10(Phospho); S11(Phospho); S1	3257.81240	Too many isoforms	0.007	0.2764			High								0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G30450.1	glycine-rich protein	3	9	1	1			1	1			1	1	2	5							1	1

KIVADTPDFIDESSLVIRTTTGVR	3	AT5G43530.1	T21(Phospho)	2713.37748	T(6): 0.0; S(13): 0.1; S(14): 0.0;	0.007	0.2506					High						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G43530.1	Helicase protein with RING/U	1	3							1	3													
TASDSDLRHLTSTKPPVSK	2	AT5G20190.1	S3(Phospho)	2120.02365	T(1): 14.2; S(3): 83.2; S(5): 2.6;	0.007	0.155					High						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G20190.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	5	27	1	1	1	2					4	9	1	3	2	5	1	1	1	2	3	4	
SSLTHVLKPVSELADTTTKPFSPEIVGK	1	AT1G29900.1	S1(Phospho); S2(Phospho); T4(P	3221.51035	S(1): 99.1; S(2): 99.1; T(4): 98.8	0.007	0.1542					High						0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G29900.1	carbamoyl phosphate synthet	2	4									1	1									1	3	
VHQVAFSPHTDAK	3	AT2G01730.1	S7(Phospho)	1516.69178	S(7): 50.0; T(10): 50.0	0.007	0.1321					Medium		High				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G01730.1	cleavage and polyadenylation	1	2													1	2							
NMSPGGGLLTTLISGLCKHGKHSK	7	AT4G19440.1	C17(Carbamidomethyl); S23(Pho	2573.26235	S(3): 0.0; T(10): 0.0; T(11): 0.0;	0.007	0.1642					High	Medium	Medium	Medium	Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G19440.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1																	1	1			
TSSETSSHPPGTIVAPMAGLVVKVLVENEAK	2	AT1G03090.2	T1(Phospho); T12(Phospho)	3308.58755	T(1): 12.1; S(2): 43.2; S(3): 42.9	0.007	0.1603					High						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G03090.2	methylcrotonyl-CoA carboxyla	1	2									1	2											
TMINKANAHGKPVVTATQMLESMTVSPRPTR	1	AT3G25960.1	T1(Phospho); T30(Phospho)	3526.68378	T(1): 99.8; T(15): 0.2; T(17): 0.1	0.007	0.1658						High					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G25960.1	Pyruvate kinase family protein	1	1											1	1									
SENSAESESSGRPVGQVMRALIVVGFAGLVFLTR	1	AT5G56850.2	S4(Phospho); S9(Phospho)	3723.81239	S(1): 21.5; S(4): 77.2; S(7): 44.6	0.007	0.1684						High					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G56850.2	unknown protein; EXPRESSEI	1	1											1	1									
VLPFFHFYRGADGQLESFSCSLAKVK	3	AT4G29670.2	S19(Phospho); C20(Carbamidom	3083.49428	Y(8): 0.0; S(17): 2.2; S(19): 48.9	0.007	0.1709						Medium		Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G29670.2	atypical CYS HIS rich thiored	1	2											1	2									
TFITGLTAQDLEKATISVVDIQEK	1	AT5G05540.2	T15(Phospho); S17(Phospho)	2780.34633	T(1): 0.9; T(4): 0.1; T(7): 0.1; T(	0.007	0.1321							High				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G05540.2	small RNA degrading nucleas	2	19			1	8									2	7					1	4	
QITKMVSYCSYHRAPNPDTVLIIQTPSGVFSAK	2	AT5G53430.1	T3(Phospho); C9(Carbamidometh	3788.85422	T(3): 8.3; S(7): 8.3; Y(8): 8.3; S(	0.007	0.1393							High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G53430.1	SET domain group 29	1	2													1	2							
RLSPEHPPTRK	1	AT5G47430.2	S3(Phospho)	1397.70371	S(3): 100.0; T(9): 0.0	0.007	0.1348								High			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G47430.2	DWNN domain, a CCHC-type	2	5							1	2					2	3							
NLNGSLSKKALALVEALEGK	2	AT3G46220.3	S7(Phospho)	2135.13681	S(5): 16.1; S(7): 83.9	0.007	0.1378							High		Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G46220.3	unknown protein; INVOLVED	2	2									1	1							1	1			
VPWTVTPDMDLLAAQTIMNK	1	AT4G35440.1	T16(Phospho)	2324.10862	T(4): 0.0; T(6): 0.0; T(16): 100.0	0.007	0.1377							High				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G35440.1	chloride channel E	2	4													2	3					1	1	
KPVISSNLIKPTASSSLR	1	AT2G34680.1	S6(Phospho); S16(Phospho)	2058.03359	S(5): 12.4; S(6): 87.6; T(12): 0.0	0.007	0.1444								High			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G34680.1	Outer arm dynein light chain	2	26	1	1	1	10	1	1	1	3	2	3			1	4	1	1	1	3			
TTQDSLETELQALR	1	AT3G17360.1	S5(Phospho)	1684.77903	T(1): 9.6; T(2): 9.6; S(5): 80.9; T	0.007	0.1608								High			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G17360.1	phragmoplast orienting kinesi	1	1															1	1					
IAGFALATSALVVSGASAEGAPK	2	AT5G66570.1	T8(Phospho); S14(Phospho); S17	2328.03017	T(8): 50.5; S(9): 50.5; S(14): 99.	0.007	0.1691									Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G66570.1	PS II oxygen-evolving comple	3	172	3	30	3	32	1	2	2	5	3	20	3	18	4	23	3	15	2	11	2	16	
RNTDLTEEFEEVANGGVQSLTLGALDNSFLVNDYGVQVYR	1	AT3G19240.1	T3(Phospho); T21(Phospho)	4593.08852	T(3): 72.2; T(6): 27.2; S(19): 25.	0.007	0.1668									High		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G19240.1	Vacuolar import/degradation,	2	4			1	2											1	1	1	1			
CQGVGTRYDLLNELARR	1	AT1G59870.1;AT1G15210.1	C1(Carbamidomethyl); Y8(Phospl	2100.98911	T(6): 1.3; Y(8): 98.7	0.007	0.1484								High			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G15210.1	pleiotropic drug resistance 7	1	95	1	10	1	15			1	1	3	21	1	4	4	9	1	1	4	18	1	16	
	AT1G59870.1	ABC-2 and Plant PDR ABC-typ	2	110	2	12	2	17			1	1	5	27	2	5	4	12	1	1	5	19	1	16	
SNLITIVGGTVGGAFLLAALAFFFFCKR	2	AT2G23450.2	S1(Phospho); T10(Phospho); C2(	3150.57021	S(1): 95.7; T(5): 8.6; T(10): 95.7	0.007	0.1629								High		Medium	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G23450.2	Protein kinase superfamily pr	1	1																	1	1			
GVMSLSKTMVVVLQVMILLGQEIGKVSSTLYK	1	AT1G64640.1	T8(Phospho)	3630.97353	S(4): 43.7; S(6): 43.7; T(8): 12.6	0.007	0.1671								High			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G64640.1	early nodulin-like protein 8	1	1																	1	1			
CITQLLLLGAINSIQQK	1	AT3G43300.2	C1(Carbamidomethyl); T3(Phospl	1993.05631	T(3): 100.0; S(13): 0.0	0.007	0.1744										High	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G43300.2	HOPM interactor 7	13	216	2	4	1	2	5	48	3	33	6	29	9	34	8	19	4	9	7	20	5	18	
NFLELVPDVRELINDFYSSR	3	AT3G61140.1	S19(Phospho)	2506.21206	Y(17): 13.9; S(18): 13.9; S(19):	0.007	0.1544										High	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G61140.1	26S proteasome, regulatory s	3	13							1	2	1	4	1	2					1	2	1	3	
YPARPDVQIFAGFSLFVPNGKTVALVGQSGSGK	4	AT4G18050.1	Y1(Phospho); S14(Phospho); S3	3647.69544	Y(1): 92.5; S(14): 92.5; T(22): 15	0.008	0.1613	Medium	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G18050.1	P-glycoprotein 9	1	1	1	1																			
CDDVLEKTSLDAQKVSR	6	AT5G07820.1	C1(Carbamidomethyl); S16(Phosp	2043.93125	T(8): 0.0; S(9): 0.1; S(16): 99.9	0.008	0.2115	Medium	Medium				High	Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G07820.1	Plant calmodulin-binding prot	1	2	1	2																			
MPLSLRLSPSPTALSPTTGGFGPSRK	1	AT3G02730.1	S4(Phospho); S24(Phospho)	2815.36374	S(4): 7.8; S(8): 68.2; S(10): 22.3	0.008	0.1644	High										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G02730.1	thioredoxin F-type 1	4	147	3	42	2	55	1	6	1	9	1	4	2	8	2	10	3	13					
LPGVALSGDIPEGIFGNLTQLR	1	AT1G48480.1	S7(Phospho)	2347.20000	S(7): 96.1; T(19): 3.9	0.008	0.153	High										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G48480.1	receptor-like kinase 1	2	2	1	1	1	1																	
AYIALGSYQLVISEIDEAAATPLQAVK	2	AT1G30630.1	S13(Phospho); T21(Phospho)	2994.43813	Y(2): 0.0; S(7): 0.0; Y(8): 0.0; S(	0.008	0.1562	High				Medium						0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G30630.1	Coatomer epsilon subunit	5	54	3	15	2	18	1	9	2	3	1	3	1	1	2	2	1	3					
SFYQWAQDAALSVTSKIIESHSSVPEVK	15	AT3G04490.1	S1(Phospho)	3187.53989	S(1): 49.7; Y(3): 49.7; S(12): 0.5	0.008	0.1555	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	High	Medium	Medium	Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G04490.1	unknown protein; BEST Arabi	3	16	2	2							1	3	1	2	1	3	2	4			1	2	
NESFGNTIKDSFEHLINLRQNRPAELIAK	3	AT5G46210.1	S3(Phospho); T7(Phospho)	3514.68747	S(3): 66.7; T(7): 66.7; S(11): 66.	0.008	0.1457	High										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G46210.1	cullin4	2	4	1	3											1	1							
EKSDKSWLYTLLALIGEQFDHGDEICGAVVNIR	4	AT4G18040.1	S6(Phospho); C26(Carbamidomet	3856.86252	S(3): 25.0; S(6): 25.0; Y(9): 25.0	0.008	0.1613	High										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G18040.1	eukaryotic translation initiatio	1	6	1	4							1	1			1	1							
LTPIILNSLFLLTISSTLLAFNNEETDSTKVTK	1	AT4G18210.1	T2(Phospho); S8(Phospho); T32(	3876.87925	T(2): 28.4; S(8): 28.4; T(13): 28.	0.008	0.1645	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G18210.1	purine permease 10	1	1	1	1																			
VMGDGVTTFSVFGLFDGHNGSAAAIYTK	3	AT1G47380.1	T27(Phospho)	2942.34438	T(7): 0.4; T(8): 0.4; S(10): 0.4; S	0.008	0.1776	Medium	High				Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G47380.1	Protein phosphatase 2C famil	1	2			1	1							1	1									
RTIVTTKPSGEQER	1	AT2G30470.1	T2(Phospho); T6(Phospho)	1761.79154	T(2): 54.5; T(5): 54.5; T(6): 90.6	0.008	0.1648	High										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G30470.1	high-level expression of sugar	1	1	1	1																			
QLKNTLNELR	2	AT5G07810.1	T5(Phospho)	1308.66327	T(5): 100.0	0.008	0.159	Medium	High									1							

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G07810.1	SNF2 domain-containing prot	1	1	1	1																		
RGRGQDIQETTR	2	AT5G05660.1	T10(Phospho)	1496.68640	T(10): 93.0; T(11): 7.0	0.008	0.1577	High									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G05660.1	sequence-specific DNA bindir	1	2	1	2																		
KGSENQTVETVDSLVDKR	1	AT5G38840.1	T7(Phospho); T10(Phospho)	2164.95254	S(3): 0.0; T(7): 100.0; T(10): 50.	0.008	0.1527	High									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G38840.1	SMAD/FHA domain-containing	2	2	1	1											1	1						
RSLSVMSFDPSK	1	AT1G65110.1	S7(Phospho)	1433.64556	S(2): 0.0; S(4): 1.8; S(7): 49.1; S	0.008	0.1546	High										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G65110.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hy	2	3	1	1																	1	2
YIGALCSVATTRR	3	AT5G12330.4	C6(Carbamidomethyl); T10(Phosp	1547.73996	Y(1): 0.0; S(7): 0.0; T(10): 98.7;	0.008	0.1709	Medium					High				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G12330.4	Lateral root primordium (LRP)	1	2			1	2																
SQETLEVNLVAGLISAGK	1	AT1G67680.1	S1(Phospho); T5(Phospho)	2102.02182	S(1): 100.0; T(5): 100.0; S(16): (	0.008	0.168	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G67680.1	SRP72 RNA-binding domain	1	1			1	1																
VAICGAVGSGKSSLPSSILGEIQK	2	AT3G60970.1	C4(Carbamidomethyl); S13(Phosp	2518.21378	S(9): 0.0; S(12): 3.9; S(13): 96.1	0.008	0.1763	High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G60970.1	multidrug resistance-associat	2	6			2	6																
DLFMFLYFSNSILQLVELLSVR	1	AT1G34220.1	Y7(Phospho); S9(Phospho); S20(	2887.31997	Y(7): 98.8; S(9): 96.8; S(11): 4.5	0.008	0.1616	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in t	11	232	6	26	4	13	1	31	1	22	4	14	7	41	9	37	3	3	4	18	3	27
TAPLGAISAAPWGSALILPISYTYIAMMGSGGLTDASK	1	AT4G33010.2	S14(Phospho)	3832.88369	T(1): 2.6; S(8): 2.6; S(14): 91.7;	0.008	0.1552	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33010.2	glycine decarboxylase P-prote	6	67	4	13	5	23	1	1	1	2	2	4	4	6	1	1	3	13	1	1	2	3
RSGNGEITTTGVTNKEISDGVTVNLK	16	AT2G16005.1	T8(Phospho); T10(Phospho)	2862.37099	S(2): 0.8; T(8): 7.6; T(10): 93.5;	0.008	0.1887	Medium				Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16005.1	MD-2-related lipid recognitior	2	7			2	6									1	1						
KMLAYLGTKLK	7	AT3G62010.2	Y5(Phospho)	1345.72437	Y(5): 99.9; T(8): 0.1	0.008	0.1744	High				High	Medium	Medium		Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62010.2	unknown protein; LOCATED I	3	10			1	1			1	1	1	1	1	1	1	2			2	3	1	1
GLSNSSLGPGGGSGGTVLLFLR	1	AT4G32920.1	T16(Phospho)	2126.06357	S(3): 0.3; S(5): 0.3; S(6): 0.6; S(	0.008	0.1727	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32920.1	glycine-rich protein	4	8			1	1							1	1							2	6
GLSVGSTAACLTFIIFQSASICLATTTPEQLALALR	1	AT3G21580.1	C10(Carbamidomethyl); C22(Carb	3861.93520	S(3): 0.5; S(6): 0.5; T(7): 0.5; T(	0.008	0.173	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G21580.1	cobalt ion transmembrane tra	1	1			1	1																
SSQNRMMSDFSIGSKIAR	10	AT2G25780.1	S8(Phospho)	2094.94114	S(1): 0.1; S(2): 0.1; S(8): 99.6; S	0.008	0.2046	Medium					High	Medium	Medium		Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G25780.1	Protein of unknown function (	1	6			1	3							1	3								
IITPESNLDPFDQLYVGAFGPYGTEIVQLK	1	AT1G27510.1	S6(Phospho); Y15(Phospho)	3413.59023	T(3): 10.5; S(6): 89.1; Y(15): 92.	0.008	0.1627	High									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27510.1	Protein of unknown function (	1	1			1	1																
IKAMALSSAGVVSHLHPPSFSSSSGLSVNR	2	AT5G11270.1	S7(Phospho)	3103.53945	S(7): 49.9; S(8): 49.9; S(13): 0.0	0.008	0.1738	High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G11270.1	overexpressor of cationic pep	1	2			1	2																
LSIQSRSSLFATSSIDTNLAGSIPKDK	5	AT3G28415.1	S8(Phospho)	2916.45719	S(2): 1.6; S(5): 16.3; S(7): 57.5;	0.008	0.185	Medium					High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28415.1	ABC transporter family protei	1	5			1	3							1	2								
SYSVELACGDLEIIRIVQGENVVAVLASVSDEIQWPLTK	1	AT2G17840.1	S1(Phospho); C8(Carbamidometh	4461.16469	S(1): 33.3; Y(2): 33.3; S(3): 33.3	0.008	0.1577	High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17840.1	Senescence/dehydration-asso	2	14	1	2	1	1	1	4	1	4			1	3								
SKTYSPLIIRILR	6	AT1G16780.1	T3(Phospho); Y4(Phospho)	1719.89481	S(1): 51.9; T(3): 51.9; Y(4): 87.6	0.008	0.1739	Medium				High		Medium	Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G16780.1	Inorganic H pyrophosphatase	1	2									1	2										
SLSSRELRTNSSPIVGSPVNNNTWSSK	2	AT2G41900.1	S12(Phospho)	2997.43691	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; T(	0.008	0.1761	Medium					High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein	5	70	2	9	1	1					3	11	2	5	6	25	1	1	2	13	2	5
HGRGSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGG	1	AT4G01985.1	S57(Phospho)	4879.25893	S(5): 8.7; S(17): 9.3; S(35): 9.3;	0.008	0.2923	High									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
TKDELTEEESLSGKDYLDPPPVK	4	AT2G39010.1	S12(Phospho)	2670.23819	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(10): 0.0; S	0.008	0.2808	Medium	Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39010.1	plasma membrane intrinsic pr	1	4					1	3	1	1												
NGIGSTSSVTIKAAEADLYLAMIDDK	1	AT4G25000.1	S5(Phospho)	2763.31949	S(5): 94.1; T(6): 2.6; S(7): 2.6; S	0.008	0.2968	High									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25000.1	alpha-amylase-like	1	1					1	1														
LTLLDLSYNYLVQQVPPSIGNLSR	3	AT3G05370.1	T2(Phospho)	2712.39530	T(2): 97.5; S(7): 1.2; Y(8): 1.2; Y	0.008	0.2889	High					Medium				Medium							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05370.1	receptor like protein 31	1	2					1	1					1	1								
GSKIWLSETSMVAASLSPGSTVSVSLASPESR	7	AT3G56690.1	S23(Phospho)	3301.60215	S(2): 0.0; S(7): 0.1; T(9): 0.1; S(	0.008	0.1931	Medium				Medium	Medium			Medium	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G56690.1	Cam interacting protein 111	1	1					1	1														
SLYAQTRLLPAYR	1	AT3G49590.2	S1(Phospho)	1631.83730	S(1): 82.2; Y(3): 17.8; T(6): 0.0;	0.008	0.2686					High					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G49590.2	Autophagy-related protein 13	3	3							1	1			1	1	1	1						
SSSSKPELDTIDTATTSGSK	1	AT3G06820.1	S4(Phospho)	2091.93088	S(1): 0.9; S(2): 0.9; S(3): 3.8; S(	0.008	0.2691					High					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06820.1	Mov34/MPN/PAD-1 family pro	1	3							1	1	1	1	1	1								
EIRPVAAPFSSSTAGNLPFSPLTRPR	1	AT3G06730.1	S10(Phospho); S11(Phospho); T2	3008.37049	S(10): 12.4; S(11): 41.9; S(12): (	0.008	0.1717					High					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06730.1	Thioredoxin z	2	2									1	1					1	1				
SSTDITVFKSVGSGTVDLLTAQLVHETYLSRC	1	AT5G52810.1	T3(Phospho); C32(Carbamidomet	3564.72608	S(1): 6.5; S(2): 6.5; T(3): 6.5; T(	0.008	0.1929					High					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52810.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	1									1	1										
YYQNQHQGKNILSSSR	2	AT3G04030.1	Y2(Phospho)	2002.91396	Y(1): 87.0; Y(2): 13.0; S(13): 0.0	0.008	0.193					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04030.1	Homeodomain-like superfamil	1	2									1	2										
VKPSYVSAQAKAGTTPLSVTR	2	AT5G26910.2	S4(Phospho); Y5(Phospho); S7(P	2401.10171	S(4): 100.0; Y(5): 100.0; S(7): 10	0.008	0.168					Medium		High			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G26910.2	unknown protein; BEST Arabi	1	1													1	1						
TVFHSVSALGLPKLIYDHER	1	AT1G71710.2	T1(Phospho); S5(Phospho); S7(P	2522.11806	T(1): 85.0; S(5): 85.0; S(7): 85.0	0.008	0.1911					High					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G71710.2	DNAse I-like superfamily prot	1	3									1	1			1	2						
NHSISSSSGLSQYNTLNGMSVSLLGNKR	4	AT3G54060.2	S5(Phospho)	2944.21225	S(3): 94.6; S(5): 3.6; S(6): 0.8; S	0.008	0.2034						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54060.2	unknown protein; BEST Arabi	1	4											1	4								
IDMVPPLSLDGGHVGKTVMSPPSSPPRQR	2	AT1G61850.2	S24(Phospho)	3135.54653	S(8): 44.3; T(17): 13.9; S(20): 1	0.008	0.1947						High				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61850.2	phospholipases;galactolipase	2	4											2	3	1	1						
FRCPEVLFQPSLVGMEAAGIHETTYNSIMK	1	AT3G12110.1	C3(Carbamidomethyl); S11(Phosp	3505.65717	S(11): 99.9; T(23): 0.0; T(24): 0.	0.008	0.1966						High				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12110.1	actin-11	2	68	1	8	2	12					2	14	2	7	2	6	1	6	2	8	2	7

NIDFSEEPLFVSNGK	1	AT4G02710.1	S12(Phospho)	1775.78960	S(5): 0.0; S(12): 100.0	0.008	0.192							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02710.1	Kinase interacting (KIP1-like)	1	1											1	1								
VPGYSGLGAIADPGSFFTQJR	2	AT2G46560.1	T18(Phospho)	2233.07297	Y(4): 0.0; S(5): 0.0; S(15): 50.0;	0.008	0.1995							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46560.1	transducin family protein / W	2	3			1	1							1	2								
RLRPKSPSSSLDDVEAK	1	AT4G33400.1	S6(Phospho)	1964.97800	S(6): 82.5; S(8): 16.4; S(9): 0.8;	0.008	0.1917							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33400.1	Vacuolar import/degradation,	2	16		1	6							2	4		1	6						
EQHHSAATSILNGHLKLMLLMVLLASVFRFC	8	AT4G25240.1	S5(Phospho); S9(Phospho); C31(	3696.79831	S(5): 91.4; T(8): 53.5; S(9): 53.5	0.008	0.2097							Medium	Medium	Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25240.1	SKU5 similar 1	1	7											1	3	1	4						
TLQDAAGLTQLSSTVEDVFASGDLPR	1	AT5G51430.1	T1(Phospho)	2771.30051	T(1): 75.8; T(9): 21.6; S(12): 2.1	0.008	0.2067							High				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51430.1	conserved oligomeric Golgi co	4	6											1	1	1	1			1	3	1	1
SLPTSGSPVTKISLSGTMIQSKPARK	1	AT5G17980.1	S7(Phospho); T10(Phospho)	2831.42063	S(1): 1.4; T(4): 4.2; S(5): 49.5; S	0.008	0.201							High				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17980.1	C2 calcium/lipid-binding plant	1	1											1	1								
EQIYKMASVNLCSNISGQILASLIMSPPKPGDDSYESYIAEK	2	AT1G17290.1	S8(Phospho); C12(Carbamidomet	4727.21571	Y(4): 66.8; S(8): 29.2; S(13): 0.9	0.008	0.2123							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17290.1	alanine aminotransferas	2	8			1	2					1	2	2	3					1	1		
HTHFDQYSPPDFYTRVGIAGVPGDTVMK	1	AT3G08510.1	T2(Phospho)	3215.46474	T(2): 92.0; Y(7): 4.0; S(8): 4.0; Y	0.008	0.1501								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G08510.1	phospholipase C 2	6	106	2	17	2	25			1	2	1	10	1	7	4	20	1	5	2	13	1	7
TALSHVDNLISGVTR	1	AT1G33120.1	S4(Phospho)	1662.81765	T(1): 1.9; S(4): 98.1; S(11): 0.0;	0.008	0.1692								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G33120.1	Ribosomal protein L6 family	2	2	1	1											1	1						
MFERALAVYDKDTPDR	1	AT1G75250.2	T13(Phospho)	2006.90165	Y(9): 53.8; T(13): 46.2	0.008	0.177								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G75250.2	RAD-like 6	1	1													1	1						
NGVDTRATYTLNPDGTIHVLNETWSNGKR	1	AT5GS8070.1	T16(Phospho)	3309.56011	T(5): 9.9; T(8): 9.9; Y(9): 9.9; T(	0.008	0.1705								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5GS8070.1	temperature-induced lipocalir	1	1													1	1						
MGKPDPSSPASMAHAFTIGKPISGFGVAKAIDSGHPNYK	3	AT5G38000.1	S7(Phospho); S8(Phospho); T17(	4288.84536	S(7): 92.6; S(8): 85.0; S(11): 24.	0.008	0.172								High		Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G38000.1	Zinc-binding dehydrogenase	1	3													1	1			1	2		
ADQRGDEDDDVSPRPFGTQPKTPEHPLR	3	AT2G20960.1	S12(Phospho); T18(Phospho)	3320.43642	S(12): 95.0; T(18): 52.5; T(22): 5	0.008	0.1506								High		Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
ATTTNLPPLLPDSSIVPFTAMQSAVSK	1	AT3G25860.1	T19(Phospho); S23(Phospho); S2	3026.36551	T(2): 0.0; T(3): 0.0; T(4): 0.0; S(	0.008	0.1488								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25860.1	2-oxoacid dehydrogenases ac	3	155	2	35	2	39					2	21	2	16	3	19	2	15	1	2	1	8
ASSSCLKQGSVPMNNVCVTPEATYEAVVADPR	1	AT1G04880.1	C5(Carbamidomethyl); C17(Carbo	3677.50307	S(2): 0.1.; S(3): 0.2; S(4): 0.2; S(	0.008	0.1563								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04880.1	HMG (high mobility group) bo	1	1													1	1						
RADQRGDEDDDVSPRPFGTQPK	1	AT2G20960.1	S13(Phospho)	2566.12442	S(13): 99.6; T(19): 0.4	0.008	0.1733								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
VASLSFHSIATVNPIFSGDGGRSIFRTNR	1	AT2G46100.2	T27(Phospho)	3186.57749	S(3): 0.0; S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(	0.008	0.1737								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46100.2	Nuclear transport factor 2 (N	1	1													1	1						
LSVIENIHLPPTLLSRFDLIYLILDKPDEQTDR	1	AT2G16440.1	S15(Phospho)	3957.07578	S(2): 3.1.; T(12): 3.1; S(15): 42.0	0.008	0.1601								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16440.1	Minichromosome maintenanc	1	1													1	1						
NETEVGDALTEAFKTGLVK	1	AT2G21250.2	T3(Phospho)	2101.99363	T(3): 100.0; T(10): 0.0; T(15): 0.	0.008	0.1502								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G21250.2	NAD(P)-linked oxidoreductase	1	1													1	1						
VEEAMLASKEVEKTVEELTIELIATK	1	AT2G26570.1	T19(Phospho); T25(Phospho)	3063.48886	S(8): 50.0; T(14): 50.0; T(19): 5(	0.008	0.1663								High			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown fun	6	92	1	10	1	19					1	2	2	6	4	17	1	6	2	10	5	22
SLTAVLTLQVLDLSNNPLTGDIPVNGSFSLFTPISFANTK	1	AT4G33430.1	S1(Phospho); T39(Phospho)	4365.15590	S(1): 32.3; T(3): 32.3; T(7): 32.3	0.008	0.168								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33430.1	BRI1-associated receptor kina	1	1													1	1						
GITLFTLIVLIGTGWSFLKPYLQDK	2	AT5G42090.1	T3(Phospho); T13(Phospho)	2983.55088	T(3): 43.8; T(6): 43.8; T(13): 43.	0.008	0.1717								High			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42090.1	Lung seven transmembrane r	2	5									1	1			1	2			1	2		
IFASRSSAPSSSSSSSSTVAAASRR	4	AT4G19830.1	S10(Phospho)	2524.18393	S(4): 0.4; S(6): 1.6; S(7): 1.6; S(	0.008	0.1796								Medium	Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G19830.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-t	1	2															1	2				
KQTLFISTLIISWYSSNIGVLLLNK	4	AT5G04160.1	T3(Phospho); S7(Phospho); S12(	3251.45725	T(3): 71.4; S(7): 71.4; T(8): 71.4	0.008	0.1558								High			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G04160.1	Nucleotide-sugar transporter	1	4													1	4						
TVTLENTKTSRR	4	AT1G68990.1	T1(Phospho)	1485.74430	T(1): 98.2; T(3): 1.8; T(7): 0.1; T	0.008	0.1895									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G68990.1	male gametophyte defective	1	2																			1	2
ESSSSSHSQHGEDRVATPVPEPK	5	AT4G28300.2	S5(Phospho)	2528.09951	S(2): 5.9; S(3): 5.9; S(4): 5.9; S(	0.008	0.1817									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28300.2	Protein of unknown function (	2	26	1	7	1	11							1	1	1	2	1	5				
QTIEANLALR	2	ATCG00470.1	T2(Phospho)	1208.60639	T(2): 100.0	0.008	0.1828									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATCG00470.1	ATP synthase epsilon chain	2	61	1	10	1	13					1	13	1	6	1	5	2	10	1	2	1	2
YLPQNGSASKVHVAVK	1	AT5G35980.2	Y1(Phospho); S7(Phospho)	1857.86148	Y(1): 83.0; S(7): 99.0; S(9): 18.1	0.008	0.1969									High		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35980.2	yeast YAK1-related gene 1	3	4	1	1									2	2			1	1				
ELVSLLSAPLEKYNDVVTALKLTNYPLVVEYLDTETK	4	AT2G17790.1	S4(Phospho); S7(Phospho); T18(	4581.09536	S(4): 56.6; S(7): 56.6; Y(13): 56.	0.008	0.1914									High		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17790.1	VPS35 homolog A	3	11					2	5	2	2							1	4				
TGTTIDGVILGADTR	6	AT3G27430.3	T14(Phospho)	1569.74375	T(1): 0.0; T(3): 0.0; T(4): 0.0; T(	0.008	0.1829									Medium	High	High						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G27430.3	N-terminal nucleophile amino	2	11													1	2	2	5			2	4
EGINNATNSVTVVAVLFATVAFAAIFTVPGGDNNDGSAVVVGR	1	AT3G12360.1	T7(Phospho); S9(Phospho); S37(	4474.07583	T(7): 95.3; S(9): 71.7; T(11): 15.	0.008	0.1742										High	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12360.1	Ankyrin repeat family protein	1	1																	1	1		
SFYGGSPGRLSSSMNK	2	AT3G25690.3	S6(Phospho)	1754.75298	S(1): 0.2; Y(3): 0.2; S(6): 1.6; S(	0.008	0.174										High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G25690.3	Hydroxyproline-rich glycoprot	6	36	2	13	4	15					1	1			1	4			1	2	1	1
VSPGVWYLQLAPGR	2	AT1G71220.1	S2(Phospho)	1622.80962	S(2): 98.4; Y(7): 1.6	0.008	0.1753									High	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G71220.1	UDP-glucose:glycoprotein glu	3	10	1	2	1	5	1	1											1	1	1	1
SGGMLETQNVGPEEISDDEIELPEGKSTDSQNVAPVQDHSLSDAE	1	AT1G74690.1	S1(Phospho)	4990.20229	S(1): 77.8; T(7): 6.3; S(16): 14.0	0.008	0.1826										High	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74690.1	IQ-domain 31	3	3	1	1															1	1	1	1
GGKSPVNANQSPKSGGQSSGGNNK	2	AT5G22650.2	S4(Phospho)	2451.09500	S(4): 91.6; S(11): 8.3; S(14): 0.0	0.008	0.1829										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

	AT5G22650.2	histone deacetylase 2B		1	2																									1	2
NQNSSSNSHYTSMYQPASMTGYAAQGYYDRVSPNK	4	AT1G55500.1	S4(Phospho); S5(Phospho); S12(		4624.38791	Too many isoforms		0.008	0.1975											High		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT1G55500.1	evolutionarily conserved C-ter		1	4																									1	4
VGVILADGHGATEAVLDLDALSGLTEISLGTKDESGFR	2	AT3G50380.1	S22(Phospho)		3906.93711	T(12): 8.8; S(22): 26.3; T(25): 8.		0.008	0.2041											Medium		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G50380.1	Protein of unknown function (		3	4								1		1									1	1	1	2					
TSSHVKAIPPSPTTPLENVMSTSISETSIEMK	1	AT3G46350.1	T1(Phospho); S2(Phospho); S3(P		3639.59463	Too many isoforms		0.008	0.1936											High		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G46350.1	Leucine-rich repeat protein ki		2	2																									2	2
TRVYALWNVTSLVNVVAFVCGVVHYYHGSSSGK	4	AT4G32920.1	T1(Phospho); C21(Carbamidomet		3829.79238	T(1): 23.8; Y(4): 55.9; T(10): 13.		0.008	0.1909											Medium		1										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G32920.1	glycine-rich protein		4	8			1	1							1	1									2	6					
TAVYGGRSPDHR	10	AT2G20960.1	S8(Phospho)		1395.61621	T(1): 0.0; Y(4): 1.6; S(8): 98.4		0.009	0.1831	High		Medium								1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik		17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62							
AIMANAGSSLMGIGTATGKTRAR	5	AT3G52750.1	T15(Phospho)		2315.14736	S(8): 0.2; S(9): 0.2; T(15): 33.2;		0.009	0.1722	High	Medium		Medium						Medium		2										
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G52750.1	Tubulin/FtsZ family protein		2	6	1	2	1	1					1	1					1	1			1	1							
MSNVLLSPNGYVFASPKPLGR	4	AT5G07020.1	S2(Phospho)		2327.15688	S(2): 49.2; S(7): 49.2; Y(11): 1.5		0.009	0.2011	Medium	Medium				Medium				0												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G07020.1	proline-rich family protein		1	3	1	1	1	2																							
GSSGSPSKGTGIYLPPVSLKEAVSGGLK	11	AT3G12345.1	Y13(Phospho)		2753.41513	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(5): 0.0; S(		0.009	0.2084	Medium	Medium		Medium		Medium	High	Medium		2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G12345.1	unknown protein; LOCATED I		1	7	1	2	1	2							1	2					1	3									
RGLIPNDVIFTTLIHGHSRNGEIDLMK	11	AT1G09680.1	T12(Phospho)		3126.58957	T(11): 50.0; T(12): 50.0; S(18): (		0.009	0.2179	Medium		High	Medium				Medium		2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT1G09680.1	Pentatricopeptide repeat (PPI		1	2	1	2																									
AASGTSATFR	1	AT5G54810.1	S6(Phospho)		1048.44341	S(3): 0.8; T(5): 13.2; S(6): 72.9;		0.009	0.1671	High									0												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G54810.1	tryptophan synthase beta-sul		4	276	5	38	4	63	1	8	1	8	3	29	3	17	4	43	4	32	2	10	4	28							
TNDLAGDGTTTSVVLAQGLIAEGVKVVAAGANPVLITR	2	AT5G56500.1	T1(Phospho); T10(Phospho)		3851.94619	T(1): 92.0; T(9): 12.6; T(10): 21.		0.009	0.1683	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G56500.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam		1	109	2	12	1	15	1	12	1	11	1	6	1	10	1	13	1	7	2	8	2	15							
RLSELEELPSTR	15	AT3G06010.1	S10(Phospho)		1509.73175	S(3): 0.0; S(10): 50.0; T(11): 50.		0.009	0.1878	High	Medium		Medium		Medium	Medium	Medium		1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G06010.1	Homeotic gene regulator		2	8	1	2											2	6													
AEVYASREKNGVYMPK	4	AT2G36200.1	S6(Phospho)		1921.87908	Y(4): 1.8; S(6): 98.2; Y(13): 0.0		0.009	0.2019	Medium		Medium			Medium				2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT2G36200.1	P-loop containing nucleoside		1	1					1	1																					
QTYIPFYRITEK	5	AT4G26270.1	T10(Phospho)		1638.79033	T(2): 0.0; Y(3): 0.1; Y(7): 84.6; T		0.009	0.1945	Medium	Medium								1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G26270.1	phosphofructokinase 3		2	6	1	2	2	4																							
GSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGG	1	AT4G01985.1	S32(Phospho)		4529.11391	S(2): 8.7; S(14): 9.6; S(32): 70.8		0.009	0.1711	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION		15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6							
HGRGSVGVGAGAGGGASGGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGG	5	AT4G01985.1	S5(Phospho); S17(Phospho)		4959.22280	S(5): 57.1; S(17): 58.9; S(35): 4		0.009	0.3181	Medium		High	Medium						2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION		15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6							
NNYPAAGARSLAK	2	AT5G47070.1	S10(Phospho)		1412.66535	Y(3): 0.0; S(10): 100.0		0.009	0.1891	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G47070.1	Protein kinase superfamily pr		1	2			1	2																							
AMAAEIEVVDGPNDEGEMFTRPGKLSDR	1	AT5G40810.2	S26(Phospho)		3114.39511	T(20): 2.5; S(26): 97.5		0.009	0.1933	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G40810.2	Cytochrome C1 family		1	1			1	1																							
YVYAAIGDPMPKISGVVK	1	AT4G19170.1	S14(Phospho)		1987.98392	Y(1): 0.0; Y(3): 0.0; S(14): 100.0		0.009	0.2005			High							1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G19170.1	nine-cis-epoxycarotenoid dio		5	130	2	18	3	34					1	8	3	19	2	14	2	20	1	5	3	12							
ANLSLKPGESYPYPITDLETGNEQRDEHSLLQLGTNLDR	2	AT4G09110.1	Y13(Phospho); S29(Phospho)		4544.10659	S(4): 1.7; S(10): 3.8; Y(11): 23.1		0.009	0.1887	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G09110.1	RING/U-box superfamily prote		1	2			1	2																							
LLTMVDEVDKR	1	AT1G19700.1	T3(Phospho)		1398.67014	T(3): 100.0		0.009	0.1825	High									1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT1G19700.1	BEL1-like homeodomain 10		1	1			1	1																							
KGVLLDESVLFSPESEDSSPSLRESVPSLLR	3	AT2G43980.1	S21(Phospho); S25(Phospho); S2		3612.66713	S(8): 0.0; S(12): 0.8; S(15): 2.8;		0.009	0.222		Medium			High		Medium			2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT2G43980.1	inositol 1,3,4-trisphosphate 5		1	1											1	1															
SNGHVYVDEIPPGLPR	1	AT2G38280.1	S1(Phospho)		1829.85942	S(1): 100.0; Y(6): 0.0		0.009	0.2807				High						0												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / m		10	133	5	27	4	27	3	19	2	9	1	1	2	17	1	14	3	6	4	11	2	2							
TSCGRSRTHHR	1	AT2G20690.1	C3(Carbamidomethyl); T8(Phospl		1434.61402	T(1): 0.0; S(2): 0.0; S(6): 3.0; T(		0.009	0.2016				High						2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT2G20690.1	lumazine-binding family prote		1	1									1	1																	
TNQQNILIRSLLLK	1	AT5G63460.2	S10(Phospho)		1733.96134	T(1): 0.1; S(10): 99.9		0.009	0.2041				High						1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G63460.2	SAP domain-containing prote		1	1									1	1																	
EATSTVFNILCIVLENKGKVVSAGLIHAATK	4	AT5G18320.1	S4(Phospho); C10(Carbamidomet		3330.64597	T(3): 19.5; S(4): 75.1; T(5): 5.4;		0.009	0.2055				High		Medium				2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G18320.1	ARM repeat superfamily prote		1	4									1	1			1	3													
ENSNGIHIPFDVITDILSRLPVKSLVK	6	AT5G62860.1	T14(Phospho)		3084.64980	S(3): 0.1; T(14): 76.3; S(18): 22.		0.009	0.2156				Medium		Medium	High		Medium	2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G62860.1	F-box associated ubiquitinatic		1	1									1	1																	
SSFSLLSDLSKSSPDVVTTYNAGVNSIKDK	2	AT5G63950.1	S4(Phospho); Y20(Phospho)		3319.53945	S(1): 24.2; S(2): 24.2; S(4): 24.2		0.009	0.2048				Medium						2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT5G63950.1	chromatin remodeling 24		1	2									1	2																	
LVKSSTFSYEQAWHRLVYLR	2	AT3G20475.1	S8(Phospho)		2563.28391	S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(6): 0.2; S(		0.009	0.2152				High						2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G20475.1	MUTS-homologue 5		1	2									1	2																	
STVAVNLAYTLAGMGARVGIFDADVYGPSLPTMVNPESR	2	AT3G24430.1	Y9(Phospho); Y26(Phospho)		4199.94985	S(1): 5.7; T(2): 5.7; Y(9): 63.7; T		0.009	0.2078				High						1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G24430.1	ATP binding		10	199	2	18	3	22	1	21	2	14	6	22	6	12	4	21	8	28	3	13	4	28							
LIAENVTFRSHGLK	1	AT4G30990.1	S10(Phospho)		1664.85111	T(7): 2.0; S(10): 98.0		0.009	0.198				High						1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G30990.1	ARM repeat superfamily prote		1	1									1	1																	
NFDTILSPLVKTGTGASNR	1	AT3G48980.1	S7(Phospho)		2071.01017	T(4): 9.3; S(7): 45.3; T(12): 45.3		0.009	0.234					High					1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT3G48980.1	Arabidopsis thaliana protein c		1	1											1	1															
ASTQPADVYSFGVLLLELTGRTSFK	2	AT1G60630.1	T3(Phospho)		2893.47548	S(2): 49.2; T(3): 49.2; Y(9): 0.8;		0.009	0.2245					High					1												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT1G60630.1	Leucine-rich repeat protein ki		1	2											1	2															
GGEGTGILQPSGSTAGKSGSPSKSR	1	AT4G24680.1	T14(Phospho)		2383.13340	T(5): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.1;		0.009	0.2378					High					2												
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides		Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2							
	AT4G24680.1	modifier of snc1		2	5	1	1	1	3							1	1															
ISQSNPTEAVETYR	2	AT2G43040.1	Y13(Phospho)		1674.74045	S(2): 0.0; S(4): 0.0; T(7): 0.0; T(		0.009	0.2286					High					0												



VSFKNALIIMTSNVGSLAIAKGR	1	AT5G51070.1	S2(Phospho); T11(Phospho); S12	2630.25942	S(2): 100.0; T(11): 99.8; S(12): 9	0.01	0.3305			Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51070.1	Clp ATPase	9	155	2	4	2	3	2	8	1	6	7	52	2	2	7	59	3	4	3	12	3	5
AAIQETVSATLNRTVSSGISGASYYTGTFSAVNRSPDGR	4	AT5G23120.1	S16(Phospho); Y24(Phospho)	4151.90493	T(6): 0.0; S(8): 0.0; T(10): 0.1; T	0.01	0.2461			Medium				Medium	Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G23120.1	photosystem II stability/asse	1	4					1	1							1	1	1	2				
EVEEKLLVIEGSNGSRYIQIANAYASSGR	9	AT3G18840.2	Y17(Phospho); Y24(Phospho)	3313.53733	S(12): 94.4; S(15): 50.4; Y(17): 9	0.01	0.3248				Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18840.2	Tetratricopeptide repeat (TP	1	9							1	9												
VVVIVSSVIFFKTPVSPVNAFGTGIALAGVFLYSR	2	AT5G33320.1	S16(Phospho); S34(Phospho)	3814.99963	S(6): 1.3; S(7): 1.3; T(13): 47.3;	0.01	0.2386					Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G33320.1	Glucose-6-phosphate/phosph	2	3			1	1					1	2										
YDYMFHIRPLENSPPISDIRTNADVIR	2	AT5G56910.1	Y1(Phospho)	3312.59287	Y(1): 33.3; Y(3): 33.3; S(13): 33.	0.01	0.2239					Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56910.1	Proteinase inhibitor I25, cyst	1	2									1	2										
SVDASQGPISTTASVIRGLTSFAASESTGLNLPGDK	6	AT4G21150.2	S10(Phospho)	3614.75864	S(1): 15.7; S(5): 15.7; S(10): 15.	0.01	0.2305					Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G21150.2	ribophorin II (RPN2) family p	1	6									1	6										
DAIAKAKSVDEK	1	AT4G17720.1	S8(Phospho)	1354.65898	S(8): 100.0	0.01	0.2493							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	3	178	2	17	2	22					1	18	2	20	2	42	1	15	1	13	2	31
TPLILACMNSELFDVAKTLIELGSNVNAYRPGR	1	AT3G23280.2	T1(Phospho); C7(Carbamidometh	3742.87275	T(1): 86.4; S(10): 12.7; T(18): 0.	0.01	0.2612							Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G23280.2	XB3 ortholog 5 in Arabidopsis	1	1											1	1								
EKNPKTQVIGVEPTESDILSGGKPGPHK	1	AT3G59760.3	T14(Phospho); S20(Phospho)	3102.49013	T(6): 69.6; T(14): 26.5; S(16): 3	0.01	0.2431							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G59760.3	O-acetylserine (thiol) lyase is	2	2											1	1	1	1						
GTAKHLLDKIADLESEAQK	1	AT1G10760.1	T2(Phospho); S15(Phospho)	2227.04116	T(2): 100.0; S(15): 100.0	0.01	0.244							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G10760.1	Pyruvate phosphate dikinase,	3	4							1	2			1	1					1	1		
MVTLIVATTADPASINPAAALLAMPGWTAGPILPPDIK	1	AT2G03800.1	S14(Phospho); T28(Phospho)	3957.99277	T(3): 57.2; T(8): 20.0; T(9): 20.0	0.01	0.2573							Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G03800.1	D-aminoacyl-tRNA deacylases	1	1											1	1								
MPSLSTPPSQNLAFSPAASATSSR	1	AT4G33630.1	S3(Phospho); S5(Phospho); T6(P	2645.08193	S(3): 81.3; S(5): 98.6; T(6): 98.6	0.01	0.2263								Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33630.1	Protein of unknown function (	2	2													1	1	1	1				
RQLAGGGSSSGGGGGGGGSRGGSSGGGSSGGGSR	1	AT2G27389.1	S19(Phospho)	2716.14834	S(9): 4.5; S(10): 2.0; S(19): 28.3	0.01	0.2196							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27389.1	unknown protein; LOCATED I	1	1													1	1						
NEHLSETVAAATSMLSYVEPSLVLPFVASR	2	AT3G13330.1	S5(Phospho)	3298.60508	S(5): 19.7; T(7): 54.7; T(12): 8.0	0.01	0.2302								Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13330.1	proteasome activating protein	4	10			2	5							1	1	3	4						
SLAAARDPTQSSSSLSPLDPTVLEKIPIFVSVK	2	AT3G62690.1	S1(Phospho); T21(Phospho); S32	3856.86142	S(1): 33.4; T(9): 29.8; S(11): 29.	0.01	0.2229								Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62690.1	Atl5	1	2													1	2						
FAEIGGTFDIVIWIVVSKGVMISK	5	AT1G61180.1	T7(Phospho); S23(Phospho)	2769.37905	T(7): 99.9; S(17): 9.5; S(23): 90.	0.01	0.225							Medium	Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61180.1	LRR and NB-ARC domains-co	1	3													1	1					1	2
STNVSSAETFFPSVSGGAVSSVGYGVSETGQDKYAFEHK	4	AT5G67110.2	S6(Phospho); Y34(Phospho)	4173.81167	S(1): 8.8; T(2): 8.8; S(5): 35.6; S	0.01	0.2387								Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G67110.2	basic helix-loop-helix (bHLH)	1	4															1	4				
LALLSVAVIPGIAFAGGLYAYTLTGITSKSR	1	AT3G28860.1	Y19(Phospho)	3203.75196	S(5): 0.2; Y(19): 81.3; Y(21): 8.8	0.01	0.2232								Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28860.1	ATP binding cassette subfam	2	6									1	2					2	3	1	1		
WGSTAFQNMLVVPPGSGIVHQVNLEYLGR	1	AT2G05710.1	S16(Phospho)	3249.57136	S(3): 0.6; T(4): 0.6; S(16): 28.4;	0.01	0.2374							Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G05710.1	aconitase 3	2	2	1	1													1	1				
CINSHLLVLTKNASTLGSQHYQNPNTAAALK	2	AT3G12880.1	C1(Carbamidomethyl); S4(Phospl	3524.67786	S(4): 99.8; T(10): 99.8; S(14): 0.	0.01	0.2438								Medium	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12880.1	Plant invertase/pectin methyl	1	1																			1	1
VPPSTSTNTQGVYSSSPASAFR	1	AT2G41940.1	S4(Phospho)	2434.31686	S(4): 52.2; T(5): 14.3; S(6): 14.3	0.01	0.244								Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41940.1	zinc finger protein 8	1	1															1	1				
LSKSGATGDRLK	2	AT4G21270.1	S4(Phospho)	1312.66339	S(2): 9.3; S(4): 89.6; T(7): 1.1	0.01	0.2488								Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G21270.1	kinesin 1	1	2															1	2				
ELLLEEGFSTWSSRRDFNAFIR	1	AT5G18620.1	T10(Phospho)	2666.26674	S(9): 45.3; T(10): 45.3; S(12): 9.	0.01	0.2354								Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18620.1	chromatin remodeling factor1	1	1															1	1				
EHDTCIGSGKVGTTKLSWSFLWILIIGVGVAGLSGYAVYK	2	AT3G52850.1	T4(Phospho); C5(Carbamidometh	4683.08657	T(4): 31.1; S(8): 31.1; T(13): 34.	0.01	0.2299								Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52850.1	vacuolar sorting receptor hon	4	32	1	2	1	3					1	7	1	4	2	6			3	7	2	3
GEMARPSVIFSVDEGLVVAGLASAARTCSSSLVEGSWTILK	1	AT1G26460.1	S7(Phospho); C28(Carbamidomet	4331.15217	S(7): 93.4; S(11): 6.5; S(23): 0.0	0.01	0.2245								Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26460.1	Tetratricopeptide repeat (TP	2	3																	2	3		
IVIITGGASGIGAESVRLFTEHGARVVIVDVQDELGQNVAVSIGED	2	AT2G47140.1	T5(Phospho); S42(Phospho)	4978.52182	T(5): 29.3; S(9): 43.6; S(15): 22.	0.01	0.2221								Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G47140.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	2	4			1	2									1				1	2		
DLDGSFSFVVYDSKAGSVFTALGSDGGVK	3	AT4G27450.1	S7(Phospho); S24(Phospho)	3085.36318	S(5): 73.9; S(7): 23.4; Y(11): 1.2	0.01	0.2306								Medium	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27450.1	Aluminium induced protein w	2	6											1	3					1	1	1	2
ASSIVSNAVILVSQGNNDIGISYFGTPTAAFRGLTPNR	1	AT1G75910.1	S13(Phospho); S22(Phospho); T2	4147.93393	S(2): 31.4; S(3): 31.4; S(6): 31.4	0.01	0.2259								Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G75910.1	extracellular lipase 4	1	1																	1	1		
MISQFFVLSQRGDNIVFR	1	AT4G24550.1	S3(Phospho)	2237.09397	S(3): 100.0; S(9): 0.0	0.01	0.2451									Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24550.1	Clathrin adaptor complexes m	2	3	1	1	1	1							1	1							1	1
GVRILAFGFSTCGFLVLLHVGRYQDELSTGFGATVTVK	2	AT2G22530.1	C12(Carbamidomethyl); Y23(Pho	4276.10914	S(10): 1.3; T(11): 2.1; Y(23): 92.	0.01	0.2492									Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G22530.1	Alkaline-phosphatase-like fam	1	2																			1	2
YNSLSSFNNLQK	20	AT3G29430.1	S6(Phospho)	1494.65312	Y(1): 1.1; S(3): 33.0; S(5): 33.0;	0.011	0.2602	Medium	Medium			Medium	Medium	Medium	Medium	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29430.1	Terpenoid synthases superfar	1	14	1	2	1	8							1	3							1	1
EITMLLTLTNFRENEQLSK	10	AT3G15880.1	T9(Phospho); S18(Phospho)	2440.12589	T(3): 0.1; T(7): 96.3; T(9): 96.3;	0.011	0.2614	Medium	Medium		Medium	Medium	Medium	Medium	Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15880.1	WUS-interacting protein 2	3	8	3	8	3	20			2	3	3	16	3	8	3	10	4	9	1	4	2	7
RSNTSDTRPRTPIHESAATGR	7	AT2G20960.1	T11(Phospho)	2390.13296	S(2): 6.2; T(4): 14.3; S(5): 6.2; T	0.011	0.2273	Medium	Medium					Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-lik	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62
NGVAVIMFTSGSTGLPKGVMITHGNLVATAAGVMK	5	AT2G04350.1	S12(Phospho)	3509.78530	T(9): 3.1; S(10): 3.1; S(12): 23.6	0.011	0.2488	Medium				Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G04350.1	AMP-dependent synthetase a	3	8	1	3			1	2			1	2	1	1								
LQSLTLSR	5	AT1G33600.1	T5(Phospho)	997.50914	S(3): 11.7; T(5): 76.5; S(7): 11.7	0.011	0.2351	Medium	Medium			Medium	Medium	Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

	AT1G33600.1	Leucine-rich repeat (LRR) fan	1	1													1	1						
LQALDFLILLVAGACLGTLAK	4	AT2G37010.1	C15(Carbamidomethyl); T18(Pho	2280.24021	T(18): 100.0	0.011	0.2445	Medium	Medium					Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G37010.1	non-intrinsic ABC protein 12	1	4		1	1	2									1	1							
LVTHSPNLKELK	1	AT1G13570.1	S5(Phospho)	1458.78073	T(3): 4.1; S(5): 95.9	0.011	0.2293	Medium										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G13570.1	F-box/RNI-like superfamily pr	1	1		1	1																		
VENTLKVATKKPKPTSVK	8	AT5G58520.1	T4(Phospho); T15(Phospho)	2128.10300	T(4): 99.5; T(9): 0.5; T(15): 50.0	0.011	0.2485	Medium	Medium									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G58520.1	Protein kinase superfamily pr	1	4		1	4																		
IAAVNGHTNGSVNLGLVAVESTNGK	2	AT3G44720.1	T8(Phospho)	2502.22451	T(8): 21.7; S(11): 61.7; S(21): 8	0.011	0.232	Medium										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G44720.1	arogenate dehydratase 4	1	2		1	2																		
LNSAAKKPPGGGLGGGGGMGSEGKPHPGSNFKTK	1	AT3G12130.1	S21(Phospho); T33(Phospho)	3337.57314	S(3): 0.1; S(21): 53.1; S(29): 53	0.011	0.2281	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G12130.1	KH domain-containing protei	2	4	1	1	1	2															1	1	
SVPSIDK	6	AT5G16210.1	S4(Phospho)	825.37462	S(1): 0.0; S(4): 100.0	0.011	0.2489	Medium	Medium			Medium	Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G16210.1	HEAT repeat-containing prote	3	6	1	1							3	3	1	2									
MASASATATLLKPNLPPHKPTIIASSVSPPLPPPR	5	AT1G03600.1	S3(Phospho); S25(Phospho); S26	3877.85300	S(3): 75.4; S(5): 10.6; T(7): 10.5	0.011	0.2638	Medium				Medium	Medium				Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G03600.1	photosystem II family protein	1	1											1	1									
SQKMIAR	1	AT5G08610.1	S1(Phospho)	913.43364	S(1): 100.0	0.011	0.2438	Medium										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G08610.1	P-loop containing nucleoside	1	1	1	1																			
MATATTTATAAFSGVVSVGTETRRIYSFSHLQPSAAFPAKPSSFK	4	AT5G15450.1	Y26(Phospho); S43(Phospho)	4837.30190	T(3): 0.5; T(5): 0.5; T(6): 0.5; T(	0.011	0.238	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G15450.1	casein lytic proteinase B3	2	14			1	4					1	2	1	1	1	2	1	5					
NANGGNHQENSDESGEGNSPSSDSYLFK	1	AT4G40020.1	S19(Phospho); Y25(Phospho)	3101.14419	S(11): 0.1; S(14): 0.3; S(19): 87	0.011	0.2407		Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G40020.1	Myosin heavy chain-related p	3	7			2	3									2	4							
FPQYYTAYYELVNAGVK	2	AT5G63640.1	Y5(Phospho)	2105.96830	Y(4): 14.5; Y(5): 69.4; T(6): 14.5	0.011	0.2346		Medium						Medium			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G63640.1	ENTH/VHS/GAT family protei	1	1			1	1																	
LSDYHVEEGHTLYLVKGSPPIPLFSSNAAANSNLGR	4	AT5G11080.1	S2(Phospho); S18(Phospho); S25	4177.81899	S(2): 50.0; Y(4): 50.0; T(11): 0.3	0.011	0.3453	Medium	Medium	Medium								1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G11080.1	Ubiquitin-like superfamily prot	1	4			1	1	1	2	1	1													
ESLTAWGPDDPFSSTTMSSSSTTTAQNSSAFSESTRR	9	AT1G75140.1	S18(Phospho); S19(Phospho); S2	4554.47133	Too many isoforms	0.011	0.2465		Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G75140.1	unknown protein; LOCATED I	1	9			1	9																	
LVEELIKGVITEEEVVDNMVLLVFAAHDTTSYAMSMTFK	5	AT2G42850.1	S35(Phospho); T37(Phospho)	4533.10854	T(11): 0.0; T(29): 15.2; T(30): 45	0.011	0.2375		Medium				Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G42850.1	cytochrome P450, family 718	1	4			1	4																	
TPGHPENFETPGIEVTTGPLGQGIANAVGLALAEK	1	AT3G60750.1	T10(Phospho)	3565.73984	T(1): 10.1; T(10): 56.7; T(16): 2	0.011	0.2372		Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G60750.1	Transketolase	8	537	5	71	6	101	1	3	1	9	6	78	5	60	5	57	5	42	6	51	4	65	
GDDSILGTTVKIR	2	AT4G08350.1	T9(Phospho)	1454.73090	S(4): 1.8; T(8): 49.1; T(9): 49.1	0.011	0.2369		Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G08350.1	global transcription factor gro	1	2			1	2																	
VSEQFTAMFR	1	AT4G20890.1;AT5G44340.1;	T6(Phospho)	1295.55644	S(2): 0.0; T(6): 100.0	0.011	0.3466			Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G62690.1	tubulin beta chain 2	5	1614	9	228	9	267	5	29	5	36	12	194	10	150	11	189	12	134	13	147	14	240	
	AT5G44340.1	tubulin beta chain 4	5	974	8	117	8	167	4	21	3	27	9	121	8	101	8	101	8	84	11	90	11	145	
	AT5G23860.1	tubulin beta 8	2	1422	8	208	8	245	4	11	2	15	10	173	10	147	10	180	10	125	11	115	11	203	
	AT4G20890.1	tubulin beta-9 chain	2	828	8	103	8	136	3	12	2	15	9	98	8	84	9	94	9	73	10	77	10	136	
	AT1G20010.1	tubulin beta-5 chain	5	1126	8	136	8	182	2	9	3	10	10	145	9	118	9	108	10	72	10	124	12	222	
	AT5G12250.1	beta-6 tubulin	3	1028	9	132	9	183	4	5	3	9	11	131	9	109	10	127	10	84	12	91	12	157	
	AT2G29550.1	tubulin beta-7 chain	2	1280	7	188	8	232	2	2	1	2	9	154	7	129	8	167	8	108	8	112	10	186	
	AT1G75780.1	tubulin beta-1 chain	2	379	5	51	5	66	1	1	2	3	6	49	6	45	6	52	5	31	5	28	6	53	
EHTRKVVVENISSALSILK	2	AT1G06950.1	S13(Phospho); S16(Phospho)	2283.15140	T(3): 0.0; S(12): 10.2; S(13): 89.	0.011	0.3405			Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G06950.1	translocon at the inner envel	10	186	3	28	4	51	3	17	5	15	6	19	4	17	4	14	4	22	1	2	1	1	
GEAQNPQAAMFSDPNMAMDMMK	2	AT4G12590.1	S12(Phospho)	2494.95499	S(12): 100.0	0.011	0.3463			Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G12590.1	Protein of unknown function (	1	2					1	2															
KPVLVRSSPLLSNDGLSSSLLQTPPCFVVSAKR	4	AT5G54320.1	S17(Phospho); C26(Carbamidom	3632.94006	S(7): 0.0; S(8): 0.0; S(12): 0.3; S	0.011	0.2623			Medium					Medium		Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G54320.1	Protein of unknown function (	1	1																			1	1	
METLQKFKSGVHHVLIATDVAAR	1	AT2G47330.1	T3(Phospho)	2631.34385	T(3): 92.7; S(9): 7.3; T(18): 0.0	0.011	0.3466			Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G47330.1	P-loop containing nucleoside	1	1					1	1															
GLIKPGESVLIEPTSGNTGVGLAFTAAAK	1	AT3G22460.1	S8(Phospho); T14(Phospho); S15	3118.38864	S(8): 99.9; T(14): 99.5; S(15): 99	0.011	0.3626				Medium							0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G22460.1	O-acetylserine (thiol) lyase (C	3	3			1	1			1	1	1				1		1	1					
KDVMDASGVALVLIGPGSIDQANTFVEQTK	1	AT2G37240.1	S18(Phospho); T29(Phospho)	3263.52338	S(7): 3.2; S(18): 88.2; T(24): 11.	0.011	0.3419				Medium							1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G37240.1	Thioredoxin superfamily prote	1	1								1		1											
SASKLASACGQARSISAVVNRPSLALNPSPLSPFVSR	1	AT2G39790.1	S1(Phospho); C9(Carbamidometh	4115.89267	S(1): 50.6; S(3): 34.4; S(7): 26.8	0.011	0.3455				Medium							2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G39790.1	Mitochondrial glycoprotein fa	1	1							1	1													
TIGRELAMGSQGGFGQSK	1	AT1G31730.1	S17(Phospho)	1903.87186	T(1): 0.0; S(10): 0.0; S(17): 100.	0.011	0.3461				Medium							1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G31730.1	Adaptin family protein	7	51	1	1	1	1	2	14	3	16	1	2	2	9	1	1			4	7			
DTYLTIDAHRGSLTALAVHRHAPIIASGSAK	2	AT3G08850.1	T5(Phospho)	3322.70652	T(2): 13.8; Y(3): 43.1; T(5): 43.1	0.011	0.2509					Medium		Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G08850.1	HEAT repeat ;WD domain, G-	3	13	1	4	1	2							1	4	1	1			1	1	1	1	
EKIYHFVVATGSSKSGFLGEASIDFADFLTEADPLTVSLPLK	1	AT5G52280.1	Y4(Phospho); T10(Phospho); S12	4740.22199	Y(4): 86.6; T(10): 47.9; S(12): 66	0.011	0.2583					Medium						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G52280.1	Myosin heavy chain-related p	1	1									1	1											
STLPPIVNALEIYVANSFSQSLTNQEDGDAVTSLKTSYK	1	AT1G05700.1	Y13(Phospho); T23(Phospho); T2	4441.02033	Too many isoforms	0.011	0.2624					Medium						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G05700.1	Leucine-rich repeat transmem	1	1									1	1											
KTNSSKPQGFVDVSIR	2	AT2G40815.1	S5(Phospho)	1842.91312	T(2): 0.0; S(4): 2.8; S(5): 97.2; S	0.011	0.2482					Medium			Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G40815.1	Calcium-dependent lipid-bind	1	2									1	1							1	1			
SNGSGKSLQEKPKAEALSAR	2	AT3G09670.1	S1(Phospho); S18(Phospho)	2218.03196	S(1): 44.4; S(4): 44.4; S(7): 11.4	0.011	0.2616					Medium						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G09670.1	Tudor/PWWP/MBT superfami	1	2									1	2											
MASPLESLLSISGSVSTSSTLIR	1	AT1G64790.1	S12(Phospho); S14(Phospho)	2496.18081	S(3): 5.2; S(7): 94.2; S(10): 17.4	0.011	0.2597					Medium						0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G64790.1	ILITYHIA	10	183	5	24	2	21	1	1			7	24	4	30	2	23	2	10	4	20	3	30	
ARQQGVFISSSGDQAHSTGGNGALAFDAEHSR	1	AT3G12250.5	S9(Phospho)	3338.49892	S(9): 43.5; S(10): 43.5; S(11): 13	0.011	0.2647					Medium						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G12250.5	TGACG motif-binding factor 6	1	1									1	1											
SKEFKEFDQDFDSVLGK	2	AT5G52310.1	S1(Phospho)	2098.94986	S(1): 100.0; S(13): 0.0	0.011	0.2425						Medium	Medium				2							

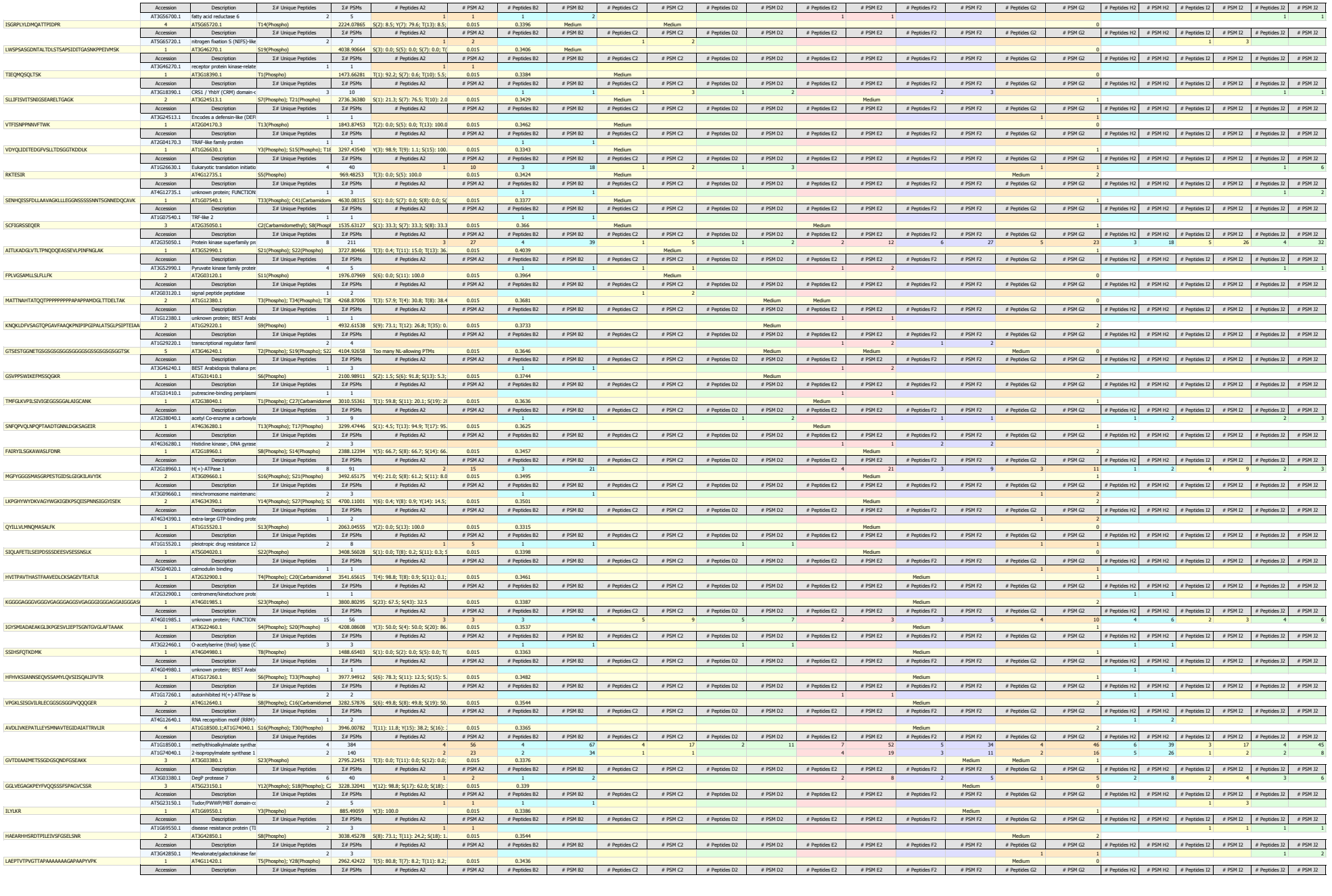
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive p	33	1799	22	271	17	282	9	72	11	49	10	144	25	237	21	299	12	101	9	119	16	225
TSKNNGLSAALVSNLQDVLSK	1	AT1G72880.2	S8(Phospho)	1	2239.13321	T(1): 0.1; S(2): 0.1; S(8): 95.5; S	0.011	0.2653						Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72880.2	Survival protein SurE-like pho	1	1											1	1								
GAATPEALSVVLRNAQHLLSGLGVSSLSHIAGR	3	AT5G42220.1	T4(Phospho); S9(Phospho); S25(	3601.65781	T(4): 98.9; S(9): 93.5; S(20): 18.	0.011	0.2703							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily prot	5	44	2	13	2	14					1	3	2	4	1	2	1	2			2	6
RFQQVYVAEPSVPDTISILR	1	AT1G74310.1	T15(Phospho); S17(Phospho)	2478.17837	Y(6): 0.1; S(11): 84.5; T(15): 84.	0.011	0.2627						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74310.1	heat shock protein 101	1	1											1	1								
EQLLGSVDVTNIGETLDPEVR	1	AT3G07880.1	S6(Phospho)	2364.12905	S(6): 17.7; T(10): 82.2; T(15): 0.	0.011	0.2816							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G07880.1	Immunoglobulin E-set superfi	1	1											1	1								
HIQNVRVSTVGVGVMGYIGNK	2	AT1G71710.2	S8(Phospho); Y17(Phospho)	2388.12394	S(8): 61.2; T(9): 61.2; Y(17): 77.	0.011	0.2576							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G71710.2	DNAse I-like superfamily prot	1	3									1	1			1	2						
ILESQAYAVPDTQTKLMSSAMNNVPK	6	AT1G54300.1	S18(Phospho)	2916.38247	S(4): 0.0; Y(7): 0.0; T(12): 0.0; T	0.011	0.243							Medium		Medium	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54300.1	unknown protein; BEST Arabi	1	3																			1	3
KETPSSRPLGR	3	AT1G63100.1	S5(Phospho)	1307.64678	T(3): 0.0; S(5): 89.6; S(6): 10.4	0.011	0.2403							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63100.1	GRAS family transcription fact	2	4													2	4						
VAKTSQSITTTNDK	1	AT1G09080.2	T11(Phospho)	1585.78122	T(4): 0.0; S(5): 0.0; S(7): 1.0; T(	0.011	0.2506							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09080.2	Heat shock protein 70 (Hsp 7	1	1													1	1						
VSMAWILGLGPSLGLVR	1	AT1G31120.1	S12(Phospho)	1848.98610	S(2): 0.5; S(12): 99.5	0.011	0.2454							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G31120.1	K+ uptake permease 10	1	1													1	1						
LSQASGQGLEELVTEVVVISK	1	AT1G11300.1	T14(Phospho)	2266.16103	S(2): 0.0; S(5): 0.0; T(14): 95.7;	0.011	0.2471							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G11300.1	protein serine/threonine kinas	1	1													1	1						
KPHVNIGTIGHVDHGKTTLTAALTMALASIGSSVAK	1	AT4G20360.1	T8(Phospho); T17(Phospho)	3756.89126	T(8): 98.8; T(17): 58.5; T(18): 2	0.011	0.2427							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G20360.1	RAB GTPase homolog E1B	6	565	2	74	3	92	2	4	2	8	4	61	4	47	4	71	5	54	5	67	5	87
NKRSSSSVVVAAVGDVSSDGTIYLIGGAIAVALVGTAFPILFK	1	AT5G02160.1	S6(Phospho); S7(Phospho); S17(	4570.22524	S(4): 49.5; S(5): 49.5; S(6): 58.9	0.011	0.2554							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G02160.1	unknown protein; FUNCTION:	6	232	3	33	4	39					4	33	4	21	5	39	5	36	3	11	3	20
LYPPIVATIR	1	AT2G26710.1	T8(Phospho)	1222.65580	Y(2): 0.0; T(8): 100.0	0.011	0.2564							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26710.1	Cytochrome P450 superfamily	1	1													1	1						
SISHVDNYLSEIINTRKLELLGQQQDESR	4	AT1G63710.1	S3(Phospho)	3465.69431	S(1): 44.6; S(3): 44.6; Y(8): 10.3	0.011	0.2633								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63710.1	cytochrome P450, family 86,	1	4															1	4				
LVQDSSLSATRSLVSSLPASVRSQMGK	1	AT3G47630.1	T10(Phospho); S12(Phospho)	2964.42812	S(5): 83.5; S(6): 19.2; S(8): 94.7	0.011	0.268								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G47630.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	1	1															1	1				
QNGVKTLLDDVSGEASDGDILAVLGASGAGK	1	AT3G55130.1	S27(Phospho)	3037.48166	T(6): 0.0; S(12): 0.1; S(16): 0.2;	0.011	0.2602								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Pevptides J2	# PSM J2
	AT3G55130.1	white-brown complex homolo	1	1															1	1				
SIPGAPPVTPAGSFGR	1	AT2G47970.1	S1(Phospho); T9(Phospho); S13(	1750.70249	S(1): 100.0; T(9): 100.0; S(13):	0.011	0.2546								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G47970.1	Nuclear pore localisation prot	1	1															1	1				
ETMESYFKALLGFLLCCHGSTLGAGPTLSSIVHGSVK	1	AT1G22980.1	S5(Phospho); C16(Carbamidomet	4047.96531	T(2): 26.0; S(5): 26.0; Y(6): 26.0	0.011	0.2705								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22980.1	unknown protein; BEST Arabi	1	1															1	1				
SGYSPVWTAKTLQSTSQGRGAPAAGNTFYPQSHSQGDR	1	AT1G15280.1	S1(Phospho); Y3(Phospho); S4(P	4395.73239	Too many isoforms	0.011	0.2546								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15280.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII bin	2	2															1	1	1	1		
IRPVSDPDSSTLELTSTGYLIVSNLR	1	AT4G00340.1	Y19(Phospho); S23(Phospho)	2993.42923	S(5): 0.0; S(9): 0.0; S(10): 0.1; T	0.011	0.2503								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00340.1	receptor-like protein kinase 4	2	2											1	1					1	1		
AGNLRLEDVMLLNQSIMLGAADIHDR	2	AT1G45180.1	S15(Phospho)	2945.43015	S(15): 100.0	0.011	0.2755									Medium	Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G45180.1	RING/U-box superfamily prote	2	2															1	1			1	1
RALESSIAETQVENAKLR	2	AT5G04420.1	T10(Phospho)	2095.04917	S(5): 0.0; S(6): 0.0; T(10): 100.0	0.011	0.2561									Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repe	4	11											1	1	1	2			3	4	3	4
NSLFLAQDPYGNYAVQFVLERDFSAIAAMLAQLK	1	AT1G22240.1	Y10(Phospho)	3996.99424	S(2): 7.9; Y(10): 69.0; Y(13): 22.	0.011	0.2485									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22240.1	pumilio 8	1	1																	1	1		
IGSGAGGTVYKVIHRPSSR	1	AT1G51660.1	S3(Phospho)	2022.03151	S(3): 0.1; T(8): 0.2; Y(10): 0.2; S	0.011	0.239									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51660.1	mitogen-activated protein kin	1	1																	1	1		
FLVADDDQETIRQSR	1	AT1G27100.1	T10(Phospho)	1872.84116	T(10): 86.2; S(14): 13.8	0.011	0.2616									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27100.1	Actin cross-linking protein	2	6	1	1	1	1									1	3			1	1		
LTGTEGRGITK	1	AT3G06340.1	T4(Phospho)	1212.60010	T(2): 0.2; T(4): 99.1; T(10): 0.7	0.011	0.2552									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06340.1	DNAJ heat shock N-terminal d		1																			1	1
LMECLAILEETFQKSSK	2	AT1G27130.1	C4(Carbamidomethyl); S16(Phosp	2106.97940	T(11): 0.0; S(15): 14.0; S(16): 86	0.011	0.2708										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27130.1	glutathione S-transferase tau	1	2																			1	2
ASGTKTNGSDTEGESSSVNESANNNMNSSGEK	2	AT4G38900.2	S15(Phospho); S16(Phospho)	3350.25356	S(2): 79.3; T(4): 57.6; T(6): 26.5	0.011	0.2589										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38900.2	Basic-leucine zipper (bZIP) tr	1	2																			1	2
EPMEFLCRSWSLSTSEISLALSSQKSDK	2	AT4G16670.1	C7(Carbamidomethyl); S13(Phosp	3296.54180	S(9): 7.4; S(11): 7.4; S(13): 24.2	0.011	0.2643										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G16670.1	Plant protein of unknown fun	1	2																			1	2
LVLHESVTATPHLGASTMEAQEGVSIEVAEAVIGALR	2	AT3G19480.1	T10(Phospho); S16(Phospho)	3945.91860	S(6): 2.8; T(8): 5.9; T(10): 84.5;	0.011	0.2568										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydr	2	64	1	8	1	8	1	4	1	5	2	12	1	7	2	9	2	3	1	2	2	6
LIVMCSKGDAASVSSSGSCR	15	AT3G24090.1	C5(Carbamidomethyl); S15(Phosp	2151.92714	S(6): 0.0; S(12): 2.8; S(14): 12.5	0.012	0.2808	Medium				Medium		Medium	Medium	Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G24090.1	glutamine-fructose-6-phosph	1	7	1	2							1	3					1	2				
MVLYLAITTLK	1	AT5G10480.2	Y4(Phospho)	1345.72576	Y(4): 100.0; T(8): 0.0; T(9): 0.0	0.012	0.2674	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G10480.2	Protein-tyrosine phosphatase	1	1	1	1																		
SIFVLIQGPPGTGKTQTILSILGAIMHATPAR	3	AT4G15570.1	S1(Phospho); T14(Phospho); T16	3495.62729	S(1): 100.0; T(11): 95.4; T(14): 6	0.012	0.2598	Medium	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15570.1	P-loop containing nucleoside	1	1			1	1																
ESISSSSPAVTIR	1	AT3G27330.1	T10(Phospho)	1326.62688	S(2): 0.0; S(4): 0.0; S(5): 0.0; S(	0.012	0.2663		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G27330.1	zinc finger (C3HC4-type RING	1	1			1	1																

| | | |

	AT1G11720.2	starch synthase 3	5	144	3	19	2	34					2	17	1	10	2	22	1	10	3	10	3	22
SYPGIGDEIITINK	5	AT3G10390.1	S1(Phospho)	1599.77251	S(1): 50.0; Y(2): 50.0; T(11): 0.0	0.013	0.2865	Medium									Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G10390.1	Flavin containing amine oxidc	2	5	1	3	1	2																
VLSVAITYGGSSLLPYK	10	AT3G13330.1	Y16(Phospho)	1847.95273	S(3): 0.0; T(7): 0.0; Y(8): 0.0; S(	0.013	0.3062	Medium	Medium						Medium	Medium	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13330.1	proteasome activating protein	4	10			2	5							1	1	3	4						
LIDIPLSHIPEAVYK	2	AT1G23170.2	Y14(Phospho)	1787.92937	S(7): 84.9; Y(14): 15.1	0.013	0.3012	Medium	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G23170.2	Protein of unknown function (	1	2	1	1	1	1																
TSFSVPSPK	12	AT1G42550.1	S7(Phospho)	1029.46575	T(1): 0.0; S(2): 0.0; S(4): 0.0; S(	0.013	0.3121	Medium					Medium	Medium		Medium	Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	8	118	5	18	2	9	1	4	1	7	1	5	5	17	4	20	1	3	3	16	4	19
EKVSNVVPPVPTDGVIQSSDVSKDQLSMMK	1	AT3G61780.1	S4(Phospho)	3294.61045	S(4): 93.2; T(12): 0.8; S(18): 1.4	0.013	0.2866	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G61780.1	embryo defective 1703	2	2	2	2																		
KTKEVIR	2	AT5G37690.1	T2(Phospho)	953.51775	T(2): 100.0	0.013	0.2985	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G37690.1	SGNH hydrolase-type esterase	2	3			2	3																
KYTPDGSIALGLAPTSPLLSAASNSYGEGGVGDSGGNGNSVDPPVI	1	AT5G46640.1	T15(Phospho)	4454.08413	Y(2): 20.4; T(3): 20.4; S(7): 35.6	0.013	0.3004	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G46640.1	AT hook motif DNA-binding fa	2	2			1	1											1	1				
KTLLGFAIFVVVSFSDDSHNNAGLGVRCVSR	2	AT3G51560.1	S15(Phospho); C28(Carbamidom	3525.67470	T(2): 1.5; S(13): 47.0; S(15): 47.	0.013	0.2811	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G51560.1	Disease resistance protein (T	1	2			1	2																
AAVLHSPILSGLR	4	AT5G14390.1	S6(Phospho)	1413.76929	S(6): 87.6; S(10): 12.4	0.013	0.3136	Medium							Medium		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14390.1	alpha/beta-Hydrolases superf	1	2			1	2																
VMGTILSLIGAFVVIFYHGPRVFVASSPPYLNFR	1	AT3G28080.3	T4(Phospho); S7(Phospho); S26(	4087.91689	T(4): 100.0; S(7): 100.0; Y(17):	0.013	0.2947	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28080.3	nodulin MtN21 /EamA-like tra	1	1			1	1																
SDARSSSSSIITKER	3	AT1G51890.1	S5(Phospho)	1703.79526	S(1): 12.5; S(5): 3.2; S(6): 12.5;	0.013	0.2805	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51890.1	Leucine-rich repeat protein k	4	11			1	3					1	1	2	3	1	2	1	1			1	1
IAGITDDDLLLMSDVDEIPSRHTINLLR	2	AT1G67880.1	S13(Phospho)	3215.59861	T(5): 7.4; S(13): 90.2; S(20): 2.3	0.013	0.284	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G67880.1	beta-1,4-N-acetylglucosamin	1	1			1	1																
GDEADIVKETQELISVEASANISMR	1	AT3G05155.1	S24(Phospho)	2898.38930	T(10): 0.0; S(16): 0.0; S(20): 0.2	0.013	0.2814	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05155.1	Major facilitator superfamily p	1	1			1	1																
TVLSSALLLMIK	1	AT5G27520.1	S5(Phospho)	1368.75299	T(1): 0.0; S(4): 0.1; S(5): 99.9	0.013	0.29	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G27520.1	peroxisomal adenine nucleoti	2	5			2	2															1	3
NSLSAAPSQPPSHFFCPLLKDVMK	3	AT5G51270.1	S2(Phospho); S12(Phospho); C1(	2831.25698	S(2): 51.0; S(4): 51.0; S(8): 77.2	0.013	0.3039	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51270.1	U-box domain-containing prot	1	3			1	3																
AVQAAQVLQHKKPTSSVDADITGGSTLSSQALPK	2	AT4G02480.1	S16(Phospho)	3513.79209	T(14): 47.9; S(15): 47.9; S(16): 4	0.013	0.2839	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02480.1	AAA-type ATPase family prote	5	138	1	10	2	12					2	11	2	17	4	30	3	13	1	15	3	30
SSLLSPSIMISTLLR	1	AT5G52790.1	S11(Phospho); T12(Phospho)	1777.86235	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(5): 0.0; S(	0.013	0.3683	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52790.1	CBS domain-containing prote	2	4			1	1	1	1			1	1					1	1			1	1
YEILSISAVRGGENLSLLLQLDFESK	2	AT3G18980.1	S16(Phospho)	2974.50949	Y(1): 0.0; S(5): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.013	0.3082				Medium				Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18980.1	EIN2 targeting protein1	1	1							1	1												
PSMLVLVGTMPSLASLVSLGGACASVSGTSSSDASYALVK	1	AT1G17220.1	T9(Phospho); S12(Phospho); C2	4030.89126	S(2): 25.8; T(9): 68.9; S(12): 86.	0.013	0.3967				Medium							0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17220.1	Translation initiation factor 2,	4	10	2	3	1	1	1	3	2	2											1	1
NFGLSQILPSNGVSQLQPK	1	AT3G56430.1	S14(Phospho)	2107.05887	S(5): 0.0; S(10): 0.0; S(14): 100.	0.013	0.3087					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G56430.1	unknown protein; FUNCTION	1	1									1	1										
DLQSATNNPSVKLGQGGFGSVYEGTLPDGSRLAVK	1	AT4G32300.1	S20(Phospho); Y22(Phospho)	3772.75010	S(4): 0.2; T(6): 0.7; S(10): 1.6; S	0.013	0.2994					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32300.1	S-domain-2 5	1	1									1	1										
NNNFTADVKVSTDSSLLTTLTFDEPAPGLKVIVQAK	1	AT5G15090.1	T5(Phospho)	3913.98786	T(5): 94.3; S(11): 3.6; T(12): 0.6	0.013	0.3173					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G15090.1	voltage dependent anion cha	1	1									1	1										
DLTEASLSGAGLSIIAALSMIFLFGMELNNYLAVSTSTSVIVDR	1	AT4G27080.1	S13(Phospho); Y31(Phospho)	4750.33500	T(3): 6.5; S(6): 6.5; S(8): 9.5; S(	0.013	0.298					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27080.1	PDI-like 5-4	1	1									1	1										
ESASKQNAMQSTSGLVEAIILEVK	2	AT1G61670.1	S4(Phospho)	2613.27178	S(2): 15.4; S(4): 84.5; S(11): 0.1	0.013	0.3228					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61670.1	Lung seven transmembrane r	1	2											1	2								
SYESDDEEPRKSTGTR	6	AT2G07360.1	S4(Phospho)	1936.78946	S(1): 0.2; Y(2): 0.2; S(4): 99.7; S	0.013	0.3127						Medium			Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing prote	5	194	3	18	1	15	1	10	1	7	1	7	3	25	1	19	1	17	4	37	3	39
QVPMKKENGQTALVPLFHSQDTISGK	2	AT4G27690.1	S24(Phospho)	2933.46878	T(11): 0.0; S(19): 10.2; T(22): 4	0.013	0.3325						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27690.1	vacuolar protein sorting 26B	2	3	1	1									1	2								
AQSPEQPGSVILSK	1	AT3G02320.1	S9(Phospho)	1520.73442	S(3): 35.5; S(9): 35.5; S(13): 29.	0.013	0.2972							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G02320.1	N2,N2-dimethylguanosine tRN	1	1													1	1						
LQLLKGVTSAFRPGVLTALMGVSGAGK	1	AT1G15210.1	T8(Phospho); S9(Phospho)	2831.46219	T(8): 50.0; S(9): 50.0; T(17): 50.	0.013	0.3018							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15210.1	pleiotropic drug resistance 7	1	95	1	10	1	15			1	1	3	21	1	4	4	9	1	1	4	18	1	16
GFYRGIAPGVTGSLATGATYFGFIESTK	1	AT1G74240.1	T11(Phospho); S26(Phospho); T2	3108.34975	Y(3): 0.1; T(11): 14.7; S(13): 66.	0.013	0.3019							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74240.1	Mitochondrial substrate carrie	1	1													1	1						
SKPETGEVIGVFESLQPSDTDLGAK	2	AT5G66570.1,AT3G50820.1	S18(Phospho)	2684.28202	S(1): 20.0; T(5): 20.0; S(14): 20.	0.013	0.2847							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G66570.1	PS II oxygen-evolving comple	3	172	3	30	3	32	1	2	2	5	3	20	3	18	4	23	3	15	2	11	2	16
	AT3G50820.1	photosystem II subunit O-2	1	118	3	24	3	34			1	2	3	10	2	17	4	10	2	14	1	2	2	5
KVMVSASDAELLTVPAILKPVPLWTGK	1	AT3G57660.1	T15(Phospho)	3044.64712	S(5): 79.7; S(7): 19.7; T(13): 0.1	0.013	0.283							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G57660.1	nuclear RNA polymerase A1	1	1													1	1						
NAQMPMSRIPINVPQTIQGAAVARPGKVVGSVLR	1	AT5G19010.1	S31(Phospho)	3635.95327	S(7): 0.4; T(16): 0.4; S(31): 99.2	0.013	0.2866							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G19010.1	mitogen-activated protein kin	1	50	1	7	1	8					1	9	1	7	2	8	1	5	1	6		
MSDSTNSVSPSSDYASISSGDQSLQR	2	AT1G25500.1	S2(Phospho); S4(Phospho); T5(P	3505.83066	S(2): 84.1; S(4): 84.1; T(5): 84.1	0.013	0.2863							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G25500.1	Plasma-membrane choline tra	1	2													1	2						
MMSSMNKLGSEPNVVTYNILIKALVK	2	AT2G38420.1	S4(Phospho)	2960.51200	S(3): 49.9; S(4): 49.9; S(10): 0.2	0.013	0.2978								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38420.1	Pentatricopeptide repeat (PP	1	2															1	2				
EDKWHVYVTGHSLGGALATLLALELSSSQLAKR	1	AT4G13550.1	S28(Phospho)	3630.86123	Y(7): 14.3; T(9): 14.3; S(12): 14.	0.013	0.3135								Medium			2						

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13550.1	triglyceride lipases;triglyceride	1	1															1	1				
VLDATSNEPWGPHGSLLADLAQASR	1	AT2G43160.3	S15(Phospho)	2685.28408	T(5): 0.0; S(6): 0.0; S(15): 98.1;	0.013	0.3126								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43160.3	ENTH/VHS family protein	7	127	4	18	3	7	3	39	3	24	2	2	1	11	2	19	1	1	1	4	2	2
IGFKGTLLIEPKPQEPTK	1	AT5G57655.2	T6(Phospho); T17(Phospho)	2156.08060	T(6): 100.0; T(17): 100.0	0.013	0.3132								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57655.2	xylose isomerase family prote	1	1															1	1				
SPKETDFDLLIRK	2	AT3G62010.2	T5(Phospho)	1641.82619	S(1): 0.2; T(5): 99.8	0.013	0.2831									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62010.2	unknown protein; LOCATED I	3	10			1	1			1	1	1	1	1	1	1	2			2	3	1	1
SSGGGGDQAKEIAAATAASEAPPLVAVVKDELYAANYAQQEVK	2	AT1G74510.2	S1(Phospho)	4355.12319	S(1): 49.8; S(2): 49.8; T(16): 0.2	0.013	0.3006									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74510.2	Galactose oxidase/kelch repea	1	2																	1	2		
ALVVIVPTLQCLSLKIPASCSDER	2	AT5G60610.1	T8(Phospho); C11(Carbamidomet	2829.37607	T(8): 95.1; S(13): 4.9; S(19): 50.	0.013	0.2983									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G60610.1	F-box/RNI-like superfamily pr	2	3			1	1													1	2		
KTLVTENLLK	1	AT3G52115.1	T2(Phospho)	1238.67762	T(2): 100.0; T(5): 0.0	0.013	0.2996										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52115.1	gamma response gene 1	1	1																			1	1
GSSSSSSAVYFNWSSSSCSYDSCR	2	AT2G02410.1	S6(Phospho); S7(Phospho); Y10(	3264.77153	Too many isoforms	0.013	0.3009										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G02410.1	unknown protein; CONTAINS	1	2																			1	2
SREGFLNLSIGLVMDVSSYPVSFINGFEISK	1	AT2G39360.1	S9(Phospho); S17(Phospho); Y1	3805.54555	S(1): 2.7; S(9): 97.3; S(17): 98.0	0.013	0.3094										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39360.1	Protein kinase superfamily pr	1	2																			1	2
VGLIVYDSQVPIGATPEYLAGFYMLQSASSFLPVMALAPREK	2	AT4G26600.1	T15(Phospho); Y18(Phospho); S2	4769.25986	Y(6): 38.8; S(8): 38.8; T(15): 34.	0.013	0.3116										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G26600.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	2	3																			2	3
ILAQIALLNRSCLYTISNDIK	1	ATCG00660.1	S11(Phospho); C12(Carbamidom	2579.26316	S(11): 52.8; Y(14): 15.6; T(15): 4	0.013	0.3072										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATCG00660.1	ribosomal protein L20	2	5																	1	2	2	3
VFSLTKLVEIAHYNMNRIR	2	AT3G60860.1;AT1G01960.1	S3(Phospho)	2384.23110	S(3): 45.1; T(5): 9.8; Y(13): 45.1	0.013	0.3091										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01960.1	SEC7-like guanine nucleotide	3	15							1	2	1	1	1	3	2	2	1	1	1	5	1	1
	AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide	1	5	1	1					1	1			1	1					1	1	1	1
EQKSVLLSALGVGVGLGIGLASGQSLGR	1	AT5G52882.1	S4(Phospho); S25(Phospho)	2826.45938	S(4): 31.8; S(8): 68.2; S(22): 31.	0.014	0.3269	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52882.1	P-loop containing nucleoside	1	1	1	1																		
KDKTLIDDVQK	1	AT3G14890.1	T4(Phospho)	1382.68376	T(4): 100.0	0.014	0.3242	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14890.1	phosphoesterase	1	1	1	1																		
TFLPLSLTNSSR	1	AT3G14470.1	T8(Phospho)	1415.69080	T(1): 0.0; S(6): 0.1; T(8): 1.9; S(	0.014	0.3139	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14470.1	NB-ARC domain-containing di	1	1	1	1																		
VIGKGSSGNVQLVK	1	AT4G26070.1	S7(Phospho)	1465.77573	S(6): 3.0; S(7): 97.0	0.014	0.3189	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G26070.1	MAP kinase/ ERK kinase 1	1	1	1	1																		
KDEILSSQVSSSTPSLPK	1	AT2G27060.1	S6(Phospho)	1982.96269	S(6): 15.4; S(7): 80.5; S(10): 3.2	0.014	0.3239	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27060.1	Leucine-rich repeat protein k	3	3	2	2	1	1																
NILLPNLCRFPPSFTGLSPDELWKR	2	AT2G36490.1	C7(Carbamidomethyl); T14(Phosp	2937.44790	S(12): 0.6; T(14): 84.0; S(17): 15	0.014	0.3255	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36490.1	demeter-like 1	1	2	1	2																		
IVTAGAGDGEDKNETDATVIVADGYASANDAVQISSSSGGR	5	AT1G19000.1	T18(Phospho); Y25(Phospho)	4128.79285	T(3): 5.0; T(15): 30.1; T(18): 63.	0.014	0.3387	Medium		Medium			Medium	Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G19000.1	Homeodomain-like superfamil	1	2	1	2																		
VVVLTIR	1	AT2G26380.1	T5(Phospho)	879.50737	T(5): 100.0	0.014	0.3234	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26380.1	Leucine-rich repeat (LRR) fan	1	1	1	1																		
KISLSSVTSIVDGLKR	1	AT3G20290.1	S6(Phospho); T8(Phospho); S9(P	1942.98328	S(3): 0.3; S(5): 12.0; S(6): 88.3;	0.014	0.3066	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G20290.1	EPS15 homology domain 1	2	2	2	2																		
GGVLILTTWLSQAASEEQTSVLLLIK	4	AT4G02560.1	T19(Phospho); S20(Phospho)	3043.56406	T(7): 0.0; T(8): 0.0; S(11): 0.0; S	0.014	0.3896	Medium	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02560.1	Homeodomain-like superfamil	1	3			1	1	1	2														
LKSISSSSGDDHLLSLIVSSTGK	2	AT3G47530.1	S6(Phospho); S7(Phospho)	2491.16762	S(3): 13.8; S(5): 27.4; S(6): 52.8	0.014	0.3158	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G47530.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	2	1	2																		
AASSACLLGNGLSVYTTKQRFQK	2	AT1G06430.1	C6(Carbamidomethyl); T16(Phosp	2580.27573	S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(13): 0.8; Y	0.014	0.3179	Medium								Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G06430.1	FTSH protease 8	1	2	1	1															1	1		
AESVKSLR	2	AT1G08560.1	S6(Phospho)	969.48210	S(3): 0.0; S(6): 100.0	0.014	0.3541	Medium								Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08560.1	syntaxin of plants 111	1	1	1	1																		
MAATTTTAASINAEAGGGGGGAEDR	3	AT5G50380.1	T5(Phospho)	2316.99013	T(4): 12.9; T(5): 12.9; T(6): 69.0	0.014	0.3078	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G50380.1	exocyst subunit exo70 family	1	3	1	3																		
NITLHSSSILSINAGENWLGIGAADNSMSLFHRPSNAGTK	1	AT1G49040.1	T3(Phospho); S6(Phospho)	4341.00161	T(3): 98.9; S(6): 76.0; S(7): 11.8	0.014	0.3156	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G49040.1	stomatal cytokinesis defective	1	1	1	1																		
EEFVPTEEGAYTVIVQKVK	1	AT1G30690.1	T12(Phospho)	2246.09854	T(6): 0.0; Y(11): 2.7; T(12): 97.3	0.014	0.3042	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30690.1	Sec14p-like phosphatidylinosi	1	1	1	1																		
KVITTPELGVSTR	8	AT1G80870.1	T12(Phospho)	1480.77710	T(4): 0.0; T(5): 0.0; S(11): 50.0;	0.014	0.324	Medium				Medium	Medium	Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G80870.1	Protein kinase superfamily pr	1	5											1	1	1	4						
KNLLDKPGGTLYASKPVEAAELRATLVTNTK	3	AT1G26710.1	S14(Phospho); T25(Phospho)	3458.76120	T(10): 13.6; Y(12): 41.4; S(14): 4	0.014	0.3208	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26710.1	unknown protein; BEST Arabi	1	3			1	3																
LLYWGSYPRKSLPLTFKPECLVELYMGFSK	3	AT5G40910.1	Y3(Phospho); S11(Phospho); C2(	3782.79929	Y(3): 29.0; S(6): 29.0; Y(7): 29.0	0.014	0.3173	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40910.1	Disease resistance protein (TI	2	4	1	1	1	3																
ENLSPKLIKK	10	AT1G12938.1	S4(Phospho)	1249.69159	S(4): 100.0	0.014	0.3117	Medium				Medium	Medium		Medium	Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G12938.1	unknown protein; Has 30201	1	1																	1	1		
LLYECAPMSFIVEQAGGKGSDGHSR	1	AT3G54050.1	C5(Carbamidomethyl); S20(Phosp	2869.20376	Y(3): 1.2; S(9): 1.8; S(20): 98.2;	0.014	0.3043	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54050.1	high cyclic electron flow 1	3	13	1	4	3	5			1	1			1	3								
VASEDDHSCYGNHCFRTSFLIMAAMALLGSLVALVLLLR	2	AT2G34350.1	S3(Phospho); C9(Carbamidometh	4591.09096	S(3): 50.0; S(8): 50.0; Y(10): 50.	0.014	0.3196	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34350.1	Nodulin-like / Major Facilitato	1	2			1	2																
VMALASTTLPTKSGLSLWCPSSPSLAR	2	AT1G63940.2	T7(Phospho); T8(Phospho); T11(	3071.38149	S(6): 64.7; T(7): 64.7; T(8): 64.7	0.014	0.3258	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

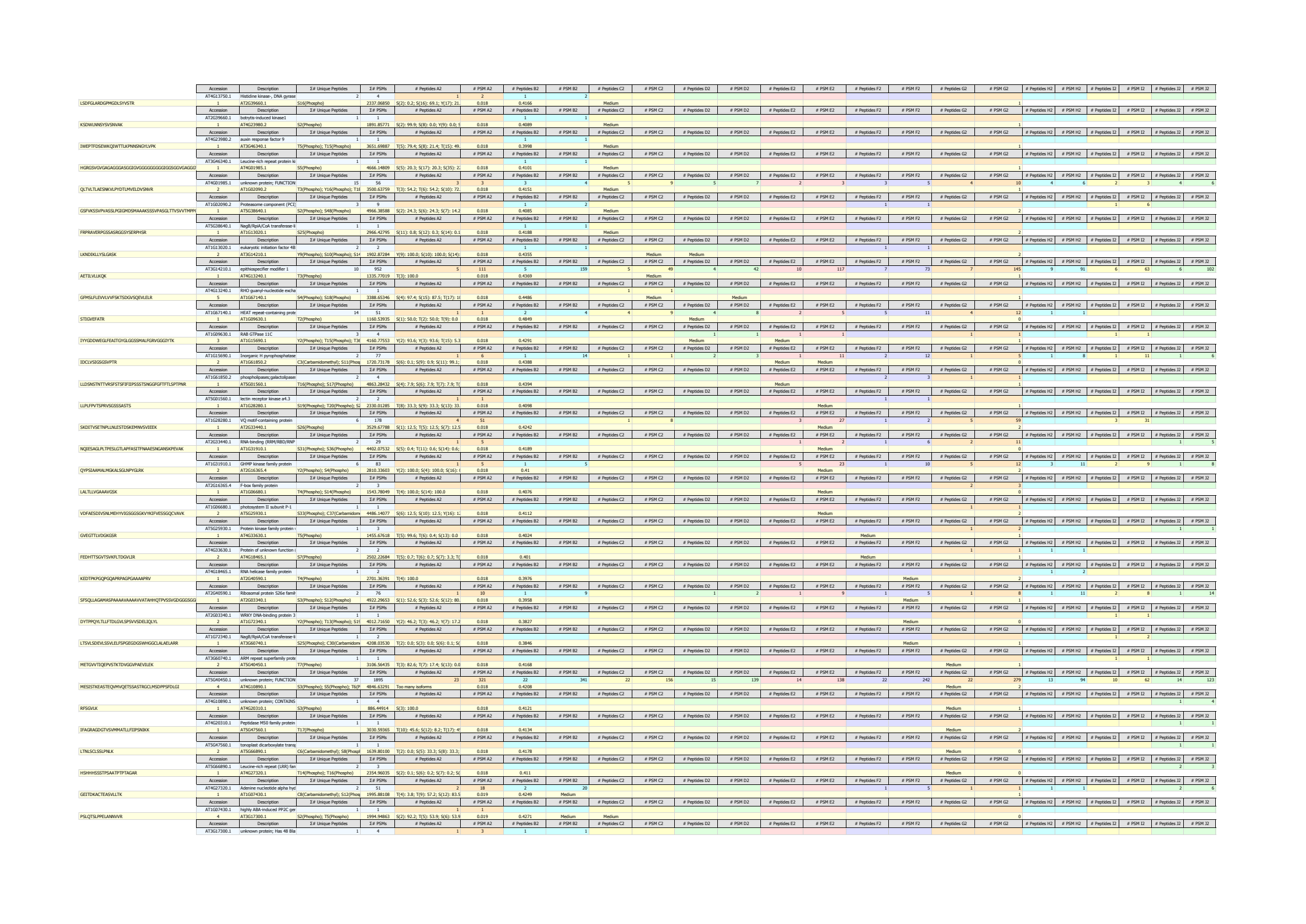
	AT1G63940.2	monodehydroascorbate reduc	1	2			1	2																
VVYLEFFDSIADR	2	AT5G41630.1	S9(Phospho)	1653.75656	Y(3): 0.0; S(9): 100.0	0.014	0.3255		Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41630.1	F-box/RNI-like superfamily pr	1	2			1	2																
HRRPSSDSMSSSPPGSPAR	2	AT5G21170.1	S12(Phospho); S16(Phospho)	2155.87314	S(5): 0.0; S(6): 0.1; S(8): 1.5; S(	0.014	0.3299		Medium								Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G21170.1	5'-AMP-activated protein kina	2	30	2	8	1	6							1	3	1	4					1	9
AVTSAYYRGALGAMVVYDITKR	4	AT1G01200.1	Y17(Phospho); T20(Phospho)	2565.18564	T(3): 0.0; S(4): 0.0; Y(6): 0.0; Y(	0.014	0.3435		Medium				Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01200.1	RAB GTPase homolog A3	1	4			1	2					1	1			1	1						
MPQVVAPAAGPIGFTPMATPGVAPR	1	AT3G63460.3	T19(Phospho)	2513.24674	T(15): 0.6; T(19): 99.4	0.014	0.3161		Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G63460.3	transducin family protein / W	8	279	3	18	4	10	1	9	1	17	6	59	6	44	6	26	3	22	4	39	4	35
FNIDDISWFDLKYLDDDK	1	AT2G17150.1	Y13(Phospho)	2342.02182	S(7): 0.0; Y(13): 100.0	0.014	0.3846		Medium								1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17150.1	Plant regulator RWP-RK famil	1	1			1	1																
LFNVRSAAELPSQYVLQKYDNQLSK	1	AT3G44340.2	S6(Phospho)	2991.50809	S(6): 99.9; S(12): 0.1; Y(14): 0.0	0.014	0.4202				Medium						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G44340.2	clone eighty-four	8	40					2	3	3	4	4	15	2	4	4	8	1	2	2	3	1	1
EVLGNASKVVLTKEMTTIVGDGTTQEAVNK	3	AT3G13470.1	S7(Phospho)	3212.60117	S(7): 97.5; T(12): 2.5; T(16): 0.0	0.014	0.4283				Medium		Medium				Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam	4	264	3	30	4	46	1	12	2	12	3	24	2	26	2	34	2	19	4	24	5	37
LLDSRLIPAAASGDSK	1	AT1G78300.1	S12(Phospho)	1693.84538	S(4): 0.0; S(12): 98.2; S(15): 1.8	0.014	0.4172				Medium						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G78300.1	general regulatory factor 2	3	96	2	12	2	16	2	16	2	11	1	9	2	9	2	6	1	2	2	8	2	7
VFDAAPQESRGALAK	2	AT5G55260.1	S9(Phospho)	1639.78777	S(9): 100.0	0.014	0.3401				Medium						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55260.1	protein phosphatase X 2	1	87	2	8	2	8	1	11	2	10	3	14	2	8	2	11	2	7	2	8	2	2
MLKLPPRFFSVYSTLIHILASFLCSSDVR	4	AT5G03140.1	C24(Carbamidomethyl); S25(Pho	3477.76308	S(10): 0.0; Y(12): 0.0; S(13): 0.0	0.014	0.335				Medium						Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03140.1	Concanavalin A-like lectin pro	2	3									1	2			1	1						
EPLRTSISGHLR	6	AT1G02080.2	S6(Phospho)	1445.72649	T(5): 8.2; S(6): 90.9; S(8): 0.8	0.014	0.3384						Medium	Medium	Medium	Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G02080.2	transcription regulators	4	15			1	4	2	4	1	1	1	1					1	2	1	2	1	1
FPLPVIFNALQTDPDIPGFENTLVTCLER	1	AT3G15180.1	T12(Phospho); C26(Carbamidom	3396.67422	T(12): 87.5; T(22): 11.5; T(25): 1	0.014	0.3377				Medium						0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15180.1	ARM repeat superfamily prote	2	3									2	3										
FANAVVINKASVFPNSDSFLTGQTTNVLER	2	AT1G66980.1	S11(Phospho); T21(Phospho)	3399.60312	S(11): 49.5; S(16): 49.5; S(18): 1	0.014	0.3208						Medium		Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G66980.1	suppressor of npr1-1 constitu	1	2									1	1			1	1						
LASVPSGGGGGVAVASATSGGGGGGGAPAAESK	2	AT2G27720.1	S6(Phospho)	2678.23745	S(3): 20.7; S(6): 79.3; S(16): 0.0	0.014	0.3385						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27720.1	60S acidic ribosomal protein f	1	185	1	46	1	50			1	2	1	19	2	30	1	9			1	11	1	18
LLTGLYKELEEERSASAVATNQAMAMITR	2	AT1G08800.1	T3(Phospho); Y6(Phospho)	3356.58093	T(3): 18.1; Y(6): 23.9; S(14): 51.	0.014	0.3511						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08800.1	Protein of unknown function,	2	3											2	3								
LMEYGNMLVMEQENVKRVQLAETYLSQAALGDANADAIGR	2	AT2G39730.1	T23(Phospho); Y24(Phospho)	4572.09585	Y(4): 65.2; T(23): 40.8; Y(24): 4	0.014	0.3385						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39730.1	rubisco activase	22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357
EIASHLQTLRSLSMK	1	AT1G08800.1	S4(Phospho)	1793.88919	S(4): 99.7; T(8): 0.3; S(11): 0.0;	0.014	0.3374						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08800.1	Protein of unknown function,	2	3											2	3								
ASVALLSSNGFKRFSFVSSFSSSSAAYSPPK	2	AT3G58140.1	S2(Phospho)	3206.55874	S(2): 89.7; S(7): 4.5; S(8): 4.5; S	0.014	0.3148						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G58140.1	phenylalanyl-tRNA synthetase	1	2													1	2						
SVGVVFNNIYELSGLITEDQYLSADSLSESQK	1	AT4G25800.1	S23(Phospho); S26(Phospho)	3665.66086	S(1): 11.0; Y(10): 16.7; S(13): 1	0.014	0.3199						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25800.1	Calmodulin-binding protein	1	1													1	1						
LIAHGYVRGEADPTGGPEALLLSKLIETICK	1	AT1G01960.1	Y6(Phospho); S23(Phospho); C3	3481.72329	Y(6): 88.9; T(14): 11.3; S(23): 9	0.014	0.3109						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01960.1	SEC7-like guanine nucleotide	3	15							1	2	1	1	1	3	2	2	1	1	1	5	1	1
IVPTSNVHRSR	1	AT4G10060.1	T4(Phospho)	1345.67008	T(4): 97.1; S(5): 2.9; S(10): 0.0	0.014	0.3241						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10060.1	Beta-glucosidase, GBA2 type	1	1													1	1						
WVEVSSPEEISQAINIPSPVGTALCMAASIR	2	AT5G13530.2	S6(Phospho); C25(Carbamidomet	3392.63735	S(5): 20.8; S(6): 72.1; S(11): 6.3	0.014	0.3166						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13530.2	protein kinases;ubiquitin-prot	3	27									1	2	1	19	3	6						
FPMYDWVGGRTSIMSAVGLLPAALQGINVR	1	AT4G24620.2	Y4(Phospho)	3299.64272	Y(4): 99.4; T(11): 0.5; S(12): 0.1	0.014	0.315						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24620.2	phosphoglucose isomerase 1	4	10			1	1							1	3	1	1	1	2			1	3
RFYKHDKPMGSPFTSLIR	2	AT3G45720.1	T14(Phospho); S15(Phospho)	2340.07656	Y(3): 0.0; S(11): 3.3; T(14): 96.9	0.014	0.323						Medium				Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45720.1	Major facilitator superfamily p	2	3																			2	3
LSPSPTALSPTTGGFGPSRK	1	AT3G02730.1	S2(Phospho); S18(Phospho)	2117.96683	S(2): 93.9; S(4): 4.9; T(6): 1.3; S	0.014	0.3232								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G02730.1	thioredoxin F-type 1	4	147	3	42	2	55	1	6	1	9	1	4	2	8	2	10	3	13				
SNEMASNSESSCSSAARPSSRSVEK	1	AT2G39300.1	S1(Phospho); S6(Phospho); S8(P	2885.04654	S(1): 30.0; S(6): 30.0; S(8): 30.0	0.014	0.3195								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39300.1	unknown protein; INVOLVED	1	1															1	1				
DKPVTKTAANLTISSNGSLILLDGTQDVIWSTGEAFTSNK	1	AT1G61390.1	T5(Phospho); S38(Phospho)	4353.09829	T(5): 74.6; T(7): 12.1; T(12): 2.8	0.014	0.3103										1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61390.1	S-locus lectin protein kinase f	2	4									1	2							1	1	1	1
GQEGAGIVTVSPEK	1	AT2G16570.1	S11(Phospho)	1451.67542	T(9): 0.1; S(11): 99.9	0.014	0.3343										Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16570.1	GLN phosphoribosyl pyrophos	1	61	1	3	2	6					1	15	1	7	1	4	2	10	1	13	2	3
GLSIMAIVGIGLGSGIASLVISFTGVCIWLKITEK	1	AT5G65830.1	T24(Phospho); C27(Carbamidom	3763.99913	S(3): 0.2; S(14): 0.9; S(18): 3.5;	0.014	0.3265										Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65830.1	receptor like protein 57	1	1																			1	1
TPRSTLPPLISAIEAFK	1	AT2G28960.1	T1(Phospho); S11(Phospho)	2000.99503	T(1): 88.3; S(4): 11.7; T(5): 0.0;	0.014	0.3401										Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28960.1	Leucine-rich repeat protein ki	1	1																			1	1
ISLTSLTSYPGEK	1	AT3G04490.1	S8(Phospho)	1475.71094	S(2): 0.2; T(4): 24.0; S(5): 24.0;	0.015	0.3294	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04490.1	unknown protein; BEST Arabi	3	16	2	2							1	3	1	2	1	3	2	4			1	2
WVKSSGGETAATTTTNTASAK	2	AT5G23680.1	S19(Phospho)	2148.98417	S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(9): 0.0; T(	0.015	0.3512	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G23680.1	Sterile alpha motif (SAM) dor	2	3	2	3																		
NLGLDPKLDTYKSLISAFGK	2	AT3G18110.1	S16(Phospho)	2260.16909	T(10): 0.9; Y(11): 11.2; S(13): 4	0.015	0.3436	Medium						Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18110.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	1													1	1						
DSNIPVKYASQTDLNDSELIALLTDSK	1	AT5G61980.1	S2(Phospho); T24(Phospho); S2	3190.38222	S(2): 99.6; Y(8): 0.1; S(10): 0.1;	0.015	0.334	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61980.1	ARF-GAP domain 1	2	2	1	1													1	1				
SYLVTGATGFLAK	3	AT3G56700.1	T5(Phospho); T8(Phospho)	1487.64823	S(1): 0.1; Y(2): 0.5; T(5): 99.5; T	0.015	0.3399	Medium	Medium								0							

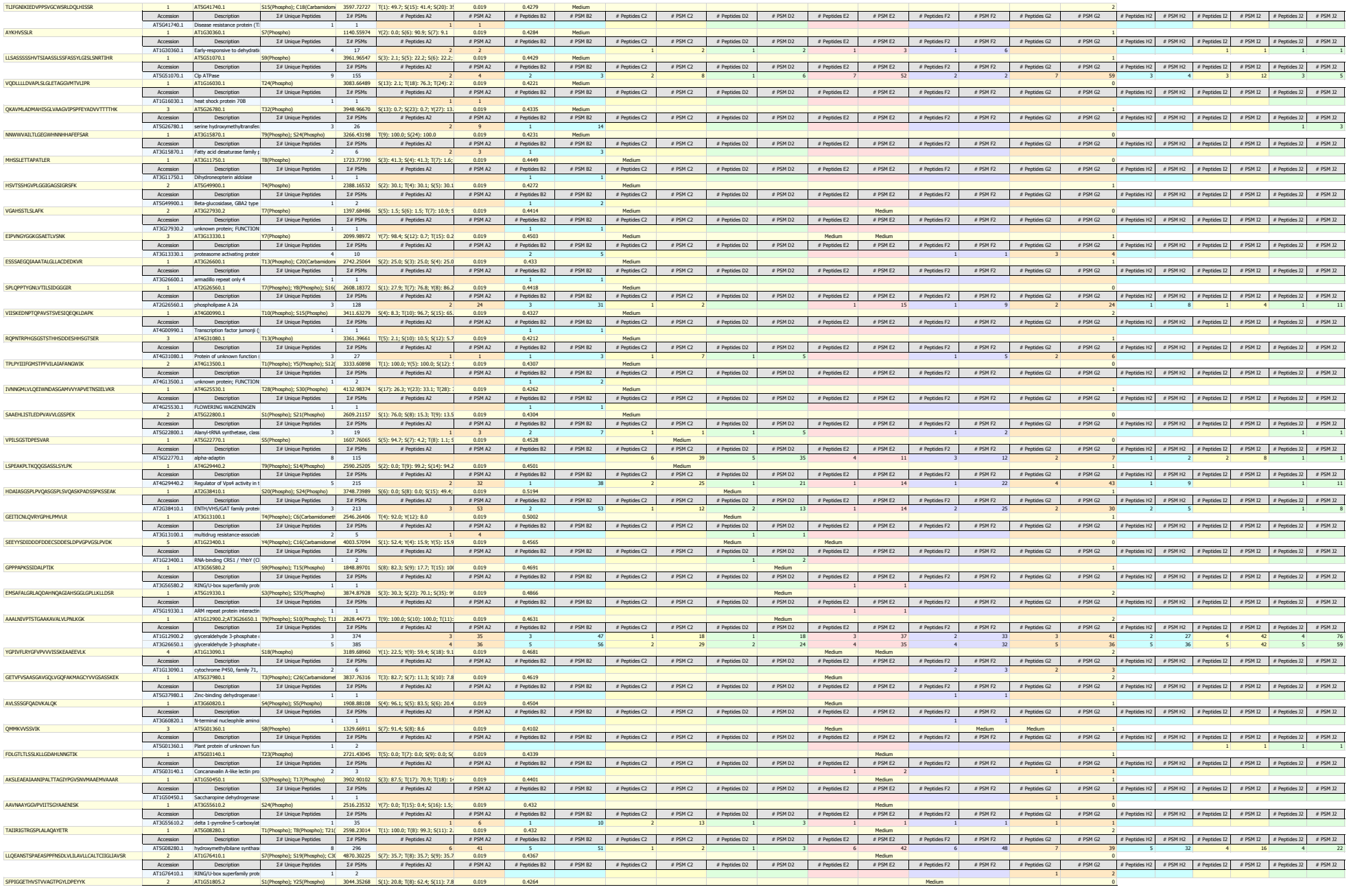


	AT4G11420.1	eukaryotic translation initiatio	4	32	1	1			1	6	1	4	2	8	2	4	2	4	1	1	1	1	2	3
QAQSKVQELVTELAESKDTLTQK	1	AT5G41790.1	T21(Phospho)	2654.32241	S(4): 0.0; T(11): 0.1; S(16): 19.3		0.015	0.3574									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41790.1	COP1-interactive protein 1	3	3									1	1			1	1					1	1
VNALDGDLSSSSKDHCINSEIPSTPLSFPLCDAGDVLK	3	AT1G64050.2	S10(Phospho); C16(Carbamidom	4138.88784	S(9): 8.2; S(10): 59.4; S(11): 21.		0.015	0.3577									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64050.2	unknown protein; INVOLVED	1	3																			1	3
LRSTLNPQNAVTQSSSQATFPAAMQR	1	AT1G26220.1	S14(Phospho); S15(Phospho)	2964.32876	S(3): 0.5; T(4): 0.5; T(12): 4.9; S		0.016	0.3721	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26220.1	Acyl-CoA N-acyltransferases (	3	13	1	1	1	4					2	4	2	3			1	1				
VLQTSLPGWTMAIVMALLSGFAGVYTEAIIK	1	AT4G35335.1	T4(Phospho)	3360.73769	T(4): 18.6; S(5): 62.7; T(10): 18.		0.016	0.3544	Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35335.1	Nucleotide-sugar transporter	1	1	1	1																		
LIDSVCKCHDLGDESIELPVLKTLLSAINSISLR	1	AT3G60860.1	S4(Phospho); C6(Carbamidometh	3968.94887	S(4): 99.9; S(15): 0.4; T(23): 0.2		0.016	0.357	Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G60860.1	SEC7-like guanine nucleotide	4	5	1	1					1	1			1	1					1	1	1	1
VDLPSAFALAKKLFHASSNNSDDTLWSPR	2	AT2G44640.1	S18(Phospho); S21(Phospho)	3347.53012	S(5): 0.0; S(17): 21.9; S(18): 77.		0.016	0.3647	Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44640.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	1	2	1	2																		
LQVNLAAANLVVESGR	3	AT1G08990.1	S14(Phospho)	1733.89176	S(14): 100.0		0.016	0.3735	Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08990.1	plant glycogenin-like starch ir	1	3	1	3																		
LLVSSVGLLIGALSVDSK	5	AT5G13410.1	S14(Phospho); Y15(Phospho); S1	2074.94219	S(4): 0.0; S(5): 0.0; S(14): 100.0		0.016	0.4078	Medium				Medium	Medium	Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-t	2	6	1	1							1	2	1	1	1	1					1	1
HNQIETDEHLAVQEISEPELETMKER	3	AT1G01700.1	T6(Phospho)	3185.44187	T(6): 20.3; S(16): 79.7; T(22): 0.		0.016	0.3748	Medium								Medium							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01700.1	RHO guanyl-nucleotide excha	1	2																			1	2
GRKGGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGGGAGGAIGGG	4	AT4G01985.1	S45(Phospho)	3800.81540	S(25): 9.4; S(45): 90.6		0.016	0.3607		Medium				Medium			Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
LTELILFILNHMTSAVDDEFFDLSLR	2	AT2G22010.1	T2(Phospho); S14(Phospho)	3212.50673	T(2): 99.9; T(13): 50.0; S(14): 5		0.016	0.3523		Medium							0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G22010.1	related to KPC1	1	2			1	2																
TVVTIAHRIHTVIESDLVLVLSDGRIAEFDSPAK	4	AT3G60970.1	T11(Phospho)	3781.99184	T(1): 16.7; T(4): 16.7; T(11): 16.		0.016	0.372	Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G60970.1	multidrug resistance-associat	2	6			2	6																
FDEKNGTSLVNGAHDTSKLAGLLENFIK	2	AT1G36730.1	T16(Phospho)	3098.52060	T(7): 0.0; S(8): 0.0; T(16): 50.0;		0.016	0.3649		Medium							2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G36730.1	Translation initiation factor IF	1	2			1	2																
IAVIENEFGEVDIDGSLVASK	1	AT1G80480.1	S20(Phospho)	2285.09195	S(16): 4.3; S(20): 95.7		0.016	0.3732		Medium							0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G80480.1	plastid transcriptionally active	1	1			1	1																
SMQNAAAFEPVVQSLKDRRPETVVEMNIEPK	1	AT1G54440.1	S1(Phospho)	3593.74677	S(1): 90.7; S(14): 9.3; T(22): 0.0		0.016	0.3747	Medium								2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54440.1	Polynucleotidyl transferase, ri	1	1			1	1																
SIVALIASR	8	AT1G10490.1	S8(Phospho)	1009.53929	S(1): 0.0; S(8): 100.0		0.016	0.3679					Medium	Medium		Medium	Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G10490.1	Domain of unknown function	2	5									2	5										
LVKISDPKHTK	5	AT4G27860.2	T10(Phospho)	1345.73125	S(5): 50.0; T(10): 50.0		0.016	0.3775					Medium			Medium	Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27860.2	vacuolar iron transporter (VIT	1	5									1	3							1	1	1	1
VVARETNEELRSIHVEPSDGFDVGAILSVAR	1	AT2G01690.1	S12(Phospho); S28(Phospho)	3525.67617	T(6): 21.4; S(12): 78.6; S(18): 5		0.016	0.3917					Medium						2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G01690.1	ARM repeat superfamily prote	2	17					1	3	1	3	2	5	1	5					1	1		
TLAYPAGICPTVGVGGHISGGGYGNMMRK	3	AT1G30700.1	C9(Carbamidomethyl); Y23(Phosp	3001.38418	T(1): 0.0; Y(4): 0.0; T(11): 0.0; S		0.016	0.4074					Medium	Medium			Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30700.1	FAD-binding Berberine family	1	1																			1	1
SRFVNRVVSSMFNSVSNK	4	AT3G29360.1	S1(Phospho); S10(Phospho)	2217.99795	S(1): 40.0; S(9): 40.0; S(10): 40.		0.016	0.3863					Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenas	3	38	2	11	1	8					3	11			3	8	2	3	2	2	2	4
ADIGIAVDDATDAARSASDIVLTEPGLSVIVSAVLTSR	1	AT2G07560.1	T23(Phospho)	3848.97947	T(11): 14.2; S(16): 11.1; S(18):		0.016	0.383					Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G07560.1	H(+)-ATPase 6	2	4									2	3	1	1								
YFLLLIRGTHSIK	1	AT3G14075.1	Y1(Phospho); T9(Phospho); S11(	1800.81955	Y(1): 100.0; T(9): 100.0; S(11):		0.016	0.3807					Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14075.1	Mono-/di-acylglycerol lipase,	3	35									1	10	3	14	1	3			1	2	1	6
MISLRFQPSTTAGVLSASVSRAGFIK	2	AT5G16710.1	S16(Phospho)	2804.45652	S(3): 0.0; S(9): 0.1; T(10): 1.0; T		0.016	0.371					Medium		Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16710.1	dehydroascorbate reductase	1	1															1	1				
GNMTQYQQNPFSTDDGGQSTGVSLSSRTSLSPPLIR	1	AT2G21235.1	T4(Phospho)	3906.80710	T(4): 71.7; Y(6): 25.4; S(12): 1.6		0.016	0.3949					Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G21235.1	Basic-leucine zipper (bZIP) tr	1	1											1	1								
QLSVWERAIIGAGAGGLAGAFTYVTLPLDAIKTK	4	AT5G42130.1	S3(Phospho); Y23(Phospho); T25	3920.86924	S(3): 99.3; T(22): 76.9; Y(23): 76		0.016	0.3958					Medium				Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42130.1	Mitochondrial substrate carrie	1	2											1	2								
QSQTTVQRIIETAGENEALLFEALNVNIDELVKTLSK	3	AT5G16880.1	S2(Phospho); T4(Phospho)	4162.03530	S(2): 84.3; T(4): 57.6; T(5): 57.6		0.016	0.4034					Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16880.1	Target of Myb protein 1	9	387	8	62	6	76	1	2	1	3	5	46	7	62	5	42	3	14	4	34	4	46
SLAFKMSVLYFDVPEGDEERIRPSR	1	AT1G01510.1	S24(Phospho)	3021.44666	S(1): 0.0; S(7): 0.0; Y(10): 0.0; S		0.016	0.3879					Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01510.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	3	42	1	2	1	2			1	5	1	3	2	12	1	7			1	10	1	1
SIFIEELLKDDNVNQEVADFSPESLKALLLSK	1	AT4G36150.1	S31(Phospho)	3684.87318	S(1): 0.0; S(21): 0.3; S(24): 21.9		0.016	0.4022					Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36150.1	Disease resistance protein (T	1	1											1	1								
QNLNSGKVILK	6	AT3G58770.1	S5(Phospho)	1293.69353	S(5): 100.0		0.016	0.366						Medium	Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G58770.1	unknown protein; Has 38 Blas	2	8													2	6	1	2				
EWEEALRVAFLHTADDRISVVK	2	AT5G13680.1	T13(Phospho)	2664.32663	T(13): 50.0; S(19): 50.0		0.016	0.3629						Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13680.1	IKI3 family protein	2	3			1	1									1	2						
SSPLPRSMGPPPPVIASPSSR	6	AT3G32200.1	S1(Phospho); S17(Phospho)	2277.04775	S(1): 49.0; S(2): 49.0; S(7): 2.1;		0.016	0.3559						Medium			Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G32200.1	BEST Arabidopsis thaliana pro	1	2																			1	2
GTCVVTSSSAHGSTSYAAGKVSSSLTGARR	1	AT3G26890.1	T2(Phospho); C3(Carbamidometh	3022.40604	T(2): 83.4; T(6): 4.6; S(7): 2.0; S		0.016	0.3784						Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G26890.6	unknown protein; FUNCTION	1	1													1	1						
TLAKALATEAGANFISITGSTLTSKWFGDAEK	1	AT1G50140.2	T1(Phospho); T9(Phospho); S17(	3652.71596	T(1): 100.0; T(9): 99.9; S(17): 9		0.016	0.375						Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G50140.2	P-loop containing nucleoside	1	1													1	1						
TPERPRKSTEYR	1	AT4G38550.1	S8(Phospho)	1599.76096	T(1): 0.0; S(8): 87.5; T(9): 12.5;		0.016	0.3582						Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like	16	711	9	101	7	78	3	30	3	49	9	96	10	84	12	194	2	11	8	51	5	17
APLSLNGSGSGAVSAPASTFLGKKVVTVSR	1	AT2G39730.1	S4(Phospho); S8(Phospho)	3018.50809	S(4): 87.2; S(8): 74.9; S(10): 15.		0.016	0.3736						Medium			2							

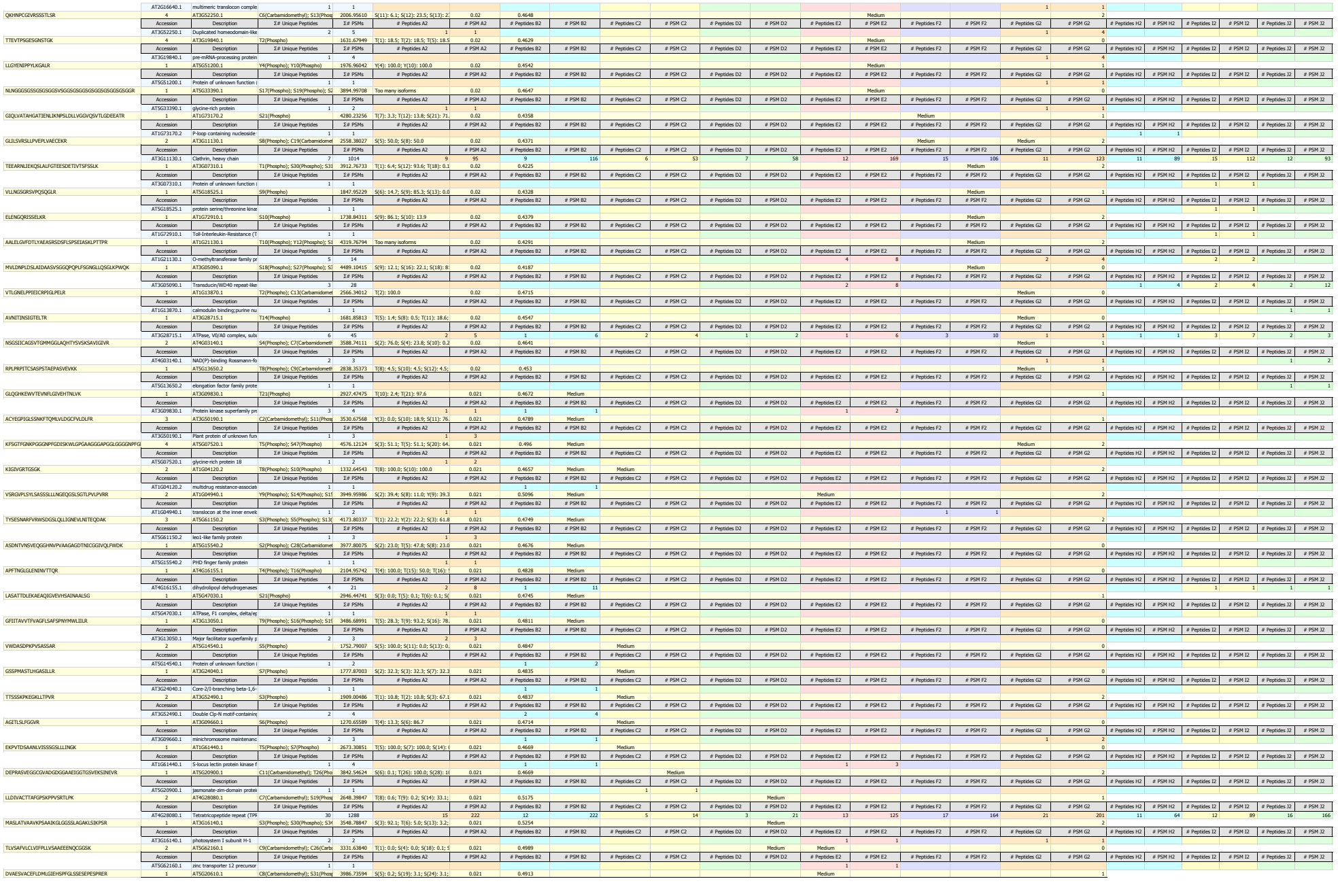
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39730.1	rubisco activase	22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357
LSWSFLWILIIGVGVAGLSGYAVYKYR	3	AT3G52850.1	S19(Phospho); Y21(Phospho)	3191.59389	S(2): 23.4; S(4): 23.4; S(19): 48.	0.016	0.3753							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52850.1	vacuolar sorting receptor hon	4	32	1	2	1	3					1	7	1	4	2	6			3	7	2	3
QHSVEYWLTLDLLASETPEIKRPCSSAAIR	1	AT1G74680.1	T17(Phospho); C24(Carbamidom	3550.75635	S(3): 0.4; Y(6): 0.4; T(9): 0.2; S(	0.016	0.3714							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74680.1	Exocytosis family protein	1	1													1	1						
ILVNVSSPVRLPSLTLSLR	1	AT1G26890.1	S6(Phospho); S7(Phospho)	2337.28470	S(6): 55.6; S(7): 55.6; S(13): 29.	0.016	0.3593							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26890.1	FBD, F-box and Leucine Rich	1	1													1	1						
SRHCGGVIVLEGR	1	AT4G14070.1	S1(Phospho); C4(Carbamidometh	1519.72290	S(1): 100.0	0.016	0.3762								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G14070.1	acyl-activating enzyme 15	2	14	1	5	1	8											1	1				
LFDHYLISLSLNALLLLTCALFFLCTR	1	AT5G42040.1	T18(Phospho); C19(Carbamidom	3387.64809	Y(5): 0.0; S(8): 0.2; S(10): 0.9; T	0.016	0.3699								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42040.1	regulatory particle non-ATPas	1	65	1	15	1	13					1	14	1	5	1	7	2	4	1	6	1	1
TVDEILNASSSSSASSSPPSSPPSINRRK	1	AT4G00800.1	S24(Phospho)	3038.45400	T(1): 0.1; S(9): 0.2; S(10): 0.2; S	0.016	0.3756								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00800.1	transducin family protein / W	2	2															1	1			1	1
SLSSSPQKTSLSR	1	AT1G15280.1	S10(Phospho)	1457.69951	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(	0.016	0.3589								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15280.1	CASC3/Barentsz eIF4AIII bin	2	2															1	1	1	1		
SSFTSKFADELIANAAYIGTPGKGILAADESTGTIGK	1	AT2G36460.1	S5(Phospho); Y17(Phospho); T2(	3941.79426	S(1): 29.5; S(2): 29.5; T(4): 29.4	0.016	0.3523								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36460.1	Aldolase superfamily protein	1	3													1	2			1	1		
AGRGGLAVSIITETDVKLIHK	1	AT1G16280.1	T14(Phospho)	2258.21499	S(9): 7.5; T(12): 46.3; T(14): 46.	0.016	0.3499								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G16280.1	RNA helicase 36	1	1																	1	1		
GLEYLHDGAVPPVIHRDIKSSNILLDQSMR	1	AT5G54590.2	S20(Phospho); S21(Phospho); S2	3613.67832	Y(4): 0.1; S(20): 99.9; S(21): 10	0.016	0.3485								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G54590.2	Protein kinase superfamily pr	1	1																	1	1		
FDNQMLQLFTSSLYLAALVASFMASVITR	1	AT3G19940.1	T10(Phospho); S25(Phospho)	3397.60654	T(10): 64.4; S(11): 22.6; S(12):	0.016	0.3697										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19940.1	Major facilitator superfamily p	1	1																			1	1
SPVLDRTEEDELKTAETSDK	1	AT1G14380.2	S1(Phospho)	2341.05948	S(1): 66.3; T(7): 15.0; T(14): 15.	0.016	0.3672										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G14380.2	IQ-domain 28	2	2																			2	2
ILVWADHIELSPHSLAWDYDVVTTTFSR	2	AT3G54460.1	S14(Phospho); Y19(Phospho)	3443.61733	S(11): 81.1; S(14): 20.2; Y(19):	0.017	0.4	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G54460.1	SNF2 domain-containing prot	1	2	1	2																		
LSASDMAALAVKASVAIEK	1	AT1G76600.1	S2(Phospho); S4(Phospho)	2034.96164	S(2): 100.0; S(4): 100.0; S(14): (	0.017	0.3913	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76600.1	unknown protein; FUNCTION	1	1	1	1																		
LTAEELSRAPAEAIGR	1	AT2G27060.1	S7(Phospho)	1763.88809	T(2): 0.0; S(7): 100.0	0.017	0.3812	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27060.1	Leucine-rich repeat protein k	3	3	2	2	1	1																
QVAATSPQSTLSGLGSFSNSGSR	5	AT2G39870.1	S22(Phospho)	2319.06338	T(5): 0.0; S(6): 0.0; S(9): 0.0; T(	0.017	0.4295	Medium				Medium	Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39870.1	unknown protein; BEST Arabi	1	3									1	3										
KPVISSNLIKPTASSSLR	20	AT2G34680.1	T12(Phospho)	1978.06975	S(5): 1.2; S(6): 1.2; T(12): 94.8;	0.017	0.3905	Medium	Medium	Medium	Medium	Medium		Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34680.1	Outer arm dynein light chain	2	26	1	1	1	10	1	1	1	3	2	3			1	4	1	1	1	3		
QYYISAARELARLSGISR	4	AT3G13100.1	Y2(Phospho)	2134.08213	Y(2): 49.1; Y(3): 49.1; S(5): 1.7;	0.017	0.3926	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13100.1	multidrug resistance-associat	2	5	1	4					1	1												
DSSARRSGVGNLFVK	4	AT2G23350.1	S2(Phospho); S3(Phospho)	1752.78604	S(2): 100.0; S(3): 100.0; S(7): 0.	0.017	0.3849	Medium	Medium								Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G23350.1	poly(A) binding protein 4	5	59	2	4	2	3					1	15	2	7	3	9	3	10	1	3	3	8
AARDLSDLTGEGNIESMLSVEMGLR	2	AT3G48860.1	S19(Phospho)	2744.26389	S(6): 0.0; T(9): 0.1; S(16): 7.5; S	0.017	0.3902	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G48860.1	unknown protein; INVOLVED	2	3	2	3																		
IGENVIQSQVYLTPVNGFTS	2	AT1G29300.1	T19(Phospho); S20(Phospho)	2326.04148	S(8): 0.1; Y(11): 0.3; T(13): 0.7;	0.017	0.3888	Medium	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29300.1	Plant protein of unknown fun	1	2	1	1	1	1																
GLYSGLAGNIAGVLPASALFVGVYEPTKQKLLK	1	AT4G39460.1	Y3(Phospho); S4(Phospho); S17(	3614.79087	Y(3): 65.1; S(4): 65.1; S(17): 56.	0.017	0.3866	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G39460.1	S-adenosylmethionine carrier	2	2			1	1	1	1														
STVISNDDNLR	4	AT1G08140.1	S5(Phospho)	1313.57425	S(1): 0.0; T(2): 0.0; S(5): 100.0	0.017	0.3795		Medium						Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08140.1	cation/H+ exchanger 6A	1	3															1	3				
GSPQSAGLSFLNR	1	AT5G20490.2	S2(Phospho)	1413.64963	S(2): 77.5; S(5): 4.8; S(9): 17.7	0.017	0.3864		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20490.2	Myosin family protein with DI	1	1			1	1																
QTLKIAPRLLDVYFSVTLR	1	AT3G15160.1	T2(Phospho); S15(Phospho); T1	2473.20920	T(2): 100.0; Y(13): 0.0; S(15): 1	0.017	0.3807		Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15160.1	unknown protein; Has 266 BI	1	1			1	1																
TAFSNYLQPQTPDTVLGEAPAPAAGSSGLLPPNTPGFKSNAARFK	2	AT3G15355.1	Y6(Phospho); T14(Phospho); S2(	4906.20710	T(1): 52.0; S(4): 52.0; Y(6): 52.0	0.017	0.3856	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G15355.1	ubiquitin-conjugating enzyme	2	4			1	2									1	2						
EIVTAVSFNGLTQAGAVVAAEFVGVLVATSVVNGILGPEAQK	3	AT2G23670.1	T4(Phospho); S7(Phospho)	4286.19797	T(4): 63.3; S(7): 63.3; T(12): 63.	0.017	0.3813	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G23670.1	homolog of Synechocystis YO	3	7	1	1	1	3											2	3				
SPVVVDSDTDLKVTVR	1	AT1G44170.3	S1(Phospho); S7(Phospho)	1889.86370	S(1): 95.3; S(7): 95.3; T(9): 8.9;	0.017	0.399	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G44170.3	aldehyde dehydrogenase 3H1	1	1			1	1																
KNLVIFAFLFLSITTVINGGTSKFVR	2	AT1G56360.1	S12(Phospho); S23(Phospho)	3158.66635	S(12): 99.9; T(14): 0.1; T(15): 1.	0.017	0.3963	Medium					Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G56360.1	purple acid phosphatase 6	1	2			1	1							1	1								
FTQILSVGIGGSALGPQFVAEALAPDNPPLKIR	1	AT4G24620.2	S6(Phospho); S12(Phospho)	3536.77871	T(2): 7.2; S(6): 94.3; S(12): 98.5	0.017	0.4275			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24620.2	phosphoglucose isomerase 1	4	10					1	1					1	3	1	1	1	2			1	3
DSSFPSSFTKFNSALTAGLLNPMSPPPPPAMHDK	4	AT1G63850.1	S7(Phospho)	3666.68589	S(2): 14.0; S(3): 14.0; S(6): 54.2	0.017	0.426			Medium				Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63850.1	BTB/POZ domain-containing	1	1													1	1						
LLSWELSSSLDSDK	5	AT5G65600.1	S8(Phospho)	1659.75798	S(3): 71.7; S(7): 12.9; S(8): 12.9	0.017	0.4242					Medium	Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65600.1	Concanavalin A-like lectin pro	1	5									1	2	1	3								
NEVHTVCVGAAIGQACLILSAGTK	1	AT1G09130.1	T5(Phospho); C7(Carbamidometh	2549.24111	T(5): 100.0; S(20): 0.0; T(23): 0.	0.017	0.4114					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09130.1	ATP-dependent caseinolytic (	1	74	1	20	1	21					1	11	1	13	1	4	1	5				
IHQFQSKYGLSVTYIINSINLLNQK	3	AT5G55870.1	S6(Phospho); Y8(Phospho); S11(	3173.51621	S(6): 39.8; Y(8): 79.9; S(11): 77.	0.017	0.3971					Medium					Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55870.1	unknown protein; BEST Arabi	1	2									1	2										

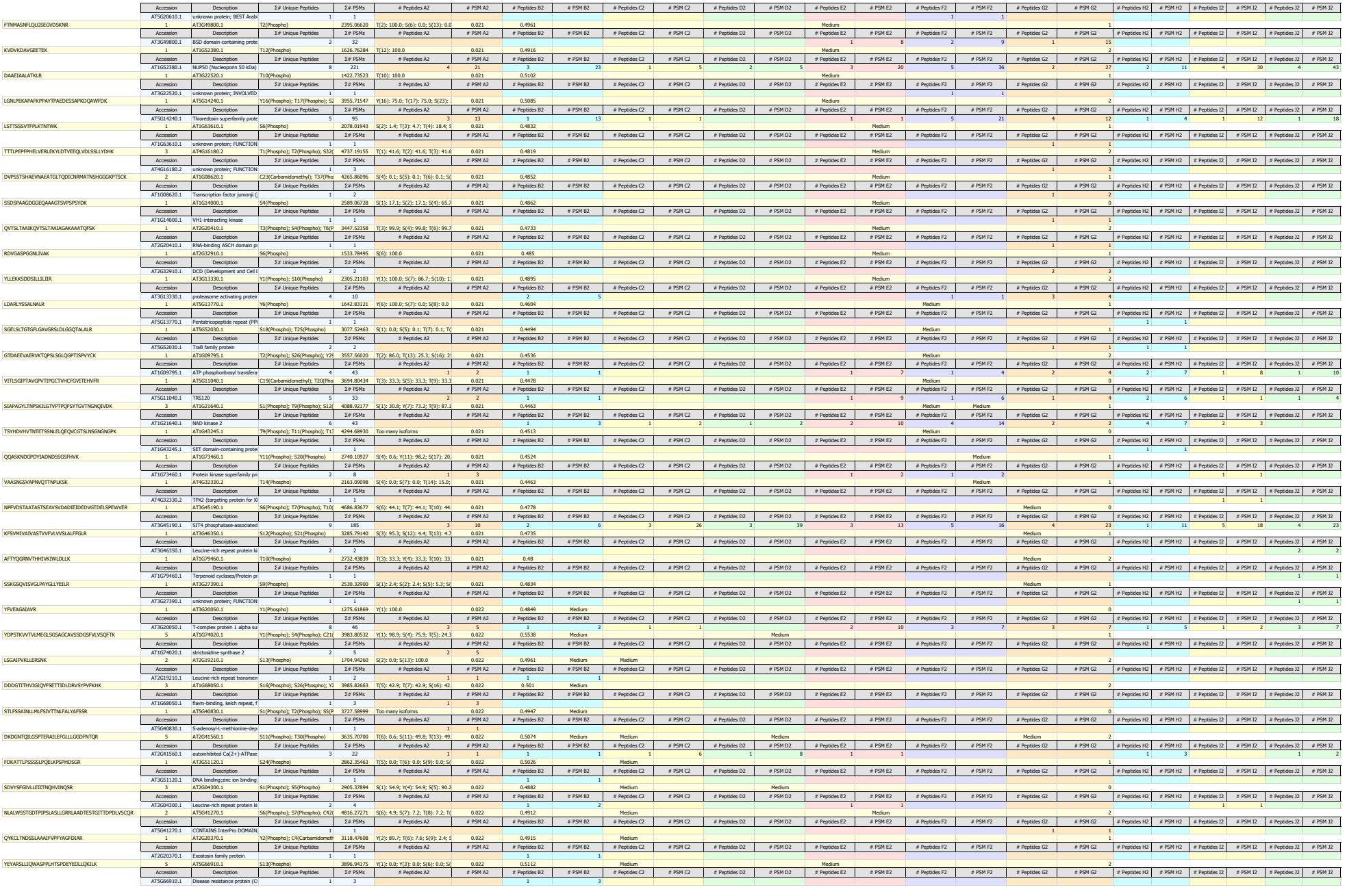
VNHSQTALVLGGTVSSGLPPDLLVYRSK	2	AT1G03000.1	S4(Phospho); T13(Phospho); S15	3308.41836	S(4): 92.3; T(6): 7.8; T(13): 99.7	0.017	0.4349						Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G03000.1	peroxin 6	2	9									2	9											
FYNNSGNSTSDGNGGHNHLGVILAVTSSVVAFVLLVSAAGFLLKK	1	AT1G70530.1	S5(Phospho); S37(Phospho)	4735.33642	Y(2): 21.9; S(5): 46.8; S(8): 21.9	0.017	0.417						Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G70530.1	cysteine-rich RLK (RECEPTOR	1	1									1	1											
SFSLVIVSDALDYLSPK	1	AT3G49720.1	S1(Phospho); S15(Phospho)	2013.91898	S(1): 83.8; S(3): 15.6; S(8): 0.7;	0.017	0.4105						Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G49720.1	unknown protein; FUNCTION	3	40	1	15	1	10	1	1			1	7	2	4	1	1			1	1	1	1	
ELSFIEKFVETFASSTPALLFNLELDTLR	2	AT1G73060.1	T16(Phospho)	3410.70839	S(3): 0.0; T(11): 1.0; S(14): 4.0;	0.017	0.4057						Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G73060.1	Low PSII Accumulation 3	8	227	4	24	4	27	1	3	1	2	6	49	6	28	3	35	4	22	3	17	4	20	
SDSETESNSSSGTESNMSSDSTTSAGVSAMIR	1	AT4G22160.1	S1(Phospho); S3(Phospho); T5(P	3839.04775	Too many isoforms	0.017	0.4112						Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G22160.1	unknown protein; Has 42 Bla	1	1											1	1									
GGTSTIEISHPDEYLVSVEGLYDSSNIIQGIQFQSNK	4	AT1G52000.1	S4(Phospho); T5(Phospho); S9(P	4345.82685	Too many isoforms	0.017	0.413						Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G52000.1	Mannose-binding lectin super	1	4											1	4									
GLLLKFLILGGGSLLTYVSATSTGEVLPIKR	1	AT3G16140.1	S13(Phospho); T16(Phospho); Y1	3536.77329	S(13): 57.1; T(16): 57.1; Y(17):	0.017	0.4045							Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G16140.1	photosystem I subunit H-1	2	2									1	1			1	1							
IISDISVAVESGEFDTEGLLAK	1	AT1G16880.1	S11(Phospho)	2373.14682	S(3): 0.0; S(6): 1.1; S(11): 94.4;	0.017	0.385							Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G16880.1	uridylyltransferase-related	1	1													1	1							
ALVEYVNQAAIEVLVVGSSKGGFLR	1	AT2G24370.1	Y5(Phospho); S19(Phospho); S2(	2946.38173	Y(5): 95.7; S(18): 33.8; S(19): 8	0.017	0.3871							Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G24370.1	Protein kinase protein with ac	1	1													1	1							
GLVGHESSGHAIKDVEASRMSSSALSASAAVQSQSNDDSVQK	2	AT1G58250.1	S8(Phospho)	4307.96792	S(7): 50.0; S(8): 50.0; S(18): 0.0	0.017	0.3961							Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G58250.1	Golgi-body localisation protein	3	4													1	2			1	1	1	1	
YIEIVTQLYPTWLDGGVKAGSRGGDDAASNSR	2	AT4G27780.1	Y1(Phospho); T6(Phospho); Y9(P	3716.53505	Y(1): 99.0; T(6): 80.4; Y(9): 80.4	0.017	0.4019							Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G27780.1	acyl-CoA binding protein 2	2	10									1	1	1	3	2	6							
VFLEALNFQGYGAAAGPDTSLSLKCRYLGK	1	AT1G70320.1	C25(Carbamidomethyl); Y27(Pho	3326.61269	Y(11): 0.0; T(19): 0.0; S(20): 0.1	0.017	0.391							Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G70320.1	ubiquitin-protein ligase 2	6	36	1	7	2	12	1	5	2	3	1	1	3	5	2	2			1	1			
AIPDSYLSAIFRQVLQGLIYLVHHDRHIIHR	1	AT4G29810.3	S8(Phospho); Y20(Phospho)	3741.88071	S(5): 25.0; Y(6): 25.0; S(8): 58.5	0.017	0.3884							Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G29810.3	MAP kinase kinase 2	2	42	1	4	1	4					1	7	1	4	2	7	1	3	1	7	1	6	
IITLPISIVSGSLGLVSGAIGLGIWAAGGVLSYSLGMLGFR	1	AT4G10790.1	S7(Phospho); S10(Phospho); Y33	4256.15883	T(3): 32.6; S(7): 67.9; S(10): 77.	0.017	0.3798								Medium			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G10790.1	UBX domain-containing prote	1	1															1	1					
HIVCSEADVNALRGQASYTVSLPLSK	1	AT5G61980.1	C4(Carbamidomethyl); S5(Phospl	3055.33792	S(5): 100.0; S(17): 95.1; Y(18):	0.017	0.3943								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G61980.1	ARF-GAP domain 1	2	2	1	1													1	1					
VSFKVSLVSTSPIDGQKPGTSGLR	1	AT1G70730.1	T10(Phospho); S11(Phospho); T2	2780.21976	S(2): 17.7; S(6): 62.5; S(9): 25.0	0.017	0.3841								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G70730.1	Phosphoglucomutase/phosph	1	19	1	3	1	2	1	2	1	3	1	2			1	2	2	5					
ATVSGIDYSFKSQYSTLLPQGSESTLTDAVRLQLVSTLR	1	AT5G40480.1	Y8(Phospho); S9(Phospho); Y14(	4472.09438	Too many isoforms	0.017	0.3698									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G40480.1	embryo defective 3012	1	1																	1	1			
RDATVLLSSATSLLLTLSPTNPAFAFSLGISGPKEWLK	1	AT5G42765.1	T20(Phospho); S27(Phospho)	4162.10187	T(4): 0.1; S(8): 0.7; S(9): 1.5; T(	0.017	0.3748									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G42765.1	INVOLVED IN: biological_proc	1	1																	1	1			
MANPWLLWGIWKHRNTTVLAGTQGDLNALIAHAFEESK	1	AT4G03566.1	S37(Phospho)	4369.18517	T(16): 0.1; T(17): 0.1; T(22): 0.1	0.017	0.3714									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G03566.1	unknown protein; FUNCTION	1	1																	1	1			
LQSNSYTTNTLLDTVTAAMFQAKEIGGSSRPPTSGKLIEQTAEK	1	AT1G20110.1	T41(Phospho)	4764.35923	S(3): 3.3; S(5): 3.3; Y(6): 3.3; T(	0.017	0.3802									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G20110.1	RING/FYVE/PHD zinc finger s	1	1																	1	1			
GGGGAGGGVGGGVGAGGGAGGSVGAGGGIGGGAGGAIGGGASG	1	AT4G01985.1	S42(Phospho)	3914.94463	S(22): 5.1; S(42): 94.9	0.017	0.3857									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6	
SVASSTQVSSPSSKASPTVQPADVDSAGTLPSSVDK	1	AT5G65460.1	T18(Phospho)	3554.66836	S(1): 0.0; S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(	0.017	0.3911									Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G65460.1	kinesin like protein for actin b	2	3									1	1			1	1							
AITSGSGGGFGPGGIRSGSPHIGGGAKVR	1	AT1G67930.1	S6(Phospho)	2761.35659	T(3): 6.3; S(4): 6.3; S(6): 87.3; S	0.018	0.4119	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G67930.1	Golgi transport complex prote	1	1	1	1																			
TSPQWLGPQIEVIR	3	AT3G53260.1;AT5G04230.1;	T1(Phospho); S2(Phospho)	1783.82279	T(1): 100.0; S(2): 100.0	0.018	0.4064	Medium	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G10340.1	phenylalanine ammonia-lyase	2	5	1	2	1	1					1	1							1	1			
	AT3G53260.1	phenylalanine ammonia-lyase	1	4	1	2	1	1							1	1									
	AT5G04230.1	phenyl alanine ammonia-lyase	1	4	2	3	1	1																	
ATVSLPKGTGQTVIVAVLAQGEK	2	AT3G63490.1	T2(Phospho); S4(Phospho); T12(	2507.20327	T(2): 79.7; S(4): 93.9; T(9): 27.1	0.018	0.4066	Medium			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G63490.1	Ribosomal protein L1p/L10e f	2	10	1	1	1	2			1	1	1	5	1	1	1	6	1	3					
VLNTGAPITVPVGR	1	AT5G08670.1	T9(Phospho)	1473.78008	T(4): 0.6; T(9): 99.4	0.018	0.4171	Medium										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G08670.1	ATP synthase alpha/beta fam	4	159	4	26	2	34	1	6	1	6	2	14	2	15	2	22	2	18	1	5	2	13	
DNIKKSSHGAFLDIDPR	2	AT5G11920.1	S6(Phospho)	1992.96201	S(6): 50.0; S(7): 50.0	0.018	0.4074	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G11920.1	6-&1-fructan exohydrolase	1	2	1	2																			
VGFSSNIGR	6	AT5G57670.2	S5(Phospho)	1016.45287	S(4): 9.5; S(5): 90.5	0.018	0.4008	Medium	Medium							Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G57670.2	Protein kinase superfamily pr	1	5	1	1	1	4																	
ENSTVTKVASKMSLAGGEHPTSLGLDHMFDGTK	3	AT4G15810.1	T32(Phospho)	3525.64597	S(3): 0.1; T(4): 0.1; T(6): 0.1; S(	0.018	0.416	Medium						Medium		Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G15810.1	P-loop containing nucleoside	1	1	1	1																			
QLGGQPPSIVSGAADEILAVLK	2	AT1G20960.1	S8(Phospho); S11(Phospho)	2323.13449	S(8): 100.0; S(11): 100.0	0.018	0.4406	Medium						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G20960.1	U5 small nuclear ribonucleopr	4	160	3	16	1	28	2	12	2	12	2	15	3	24	2	20	1	7	2	15	1	11	
DTYGTSITKDLLNHPTNEYLSALRAAIR	2	AT5G12380.1	T5(Phospho); S6(Phospho); T8(P	3465.51157	Y(3): 14.2; T(5): 89.7; S(6): 95.8	0.018	0.4062	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G12380.1	annexin 8	1	2	1	2																			
LMKLFSGIVSFAEMVIDSAETISIVSRDLK	3	AT1G59510.1	S6(Phospho); S10(Phospho); S2(	3539.66047	S(6): 100.0; S(10): 100.0; S(18):	0.018	0.4107	Medium						Medium		Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G59510.1	Carbohydrate-binding protein	1	2	1	1											1	1							
DETGASPTPWAIWTR	1	AT3G02630.1	S6(Phospho); T8(Phospho)	1847.73612	T(3): 99.9; S(6): 99.6; T(8): 0.4;	0.018	0.4036		Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G02630.1	Plant stearoyl-acyl-carrier-pro	1	1			1	1																	
EQGILSGLSKQK	3	AT4G35560.1	S6(Phospho)	1367.69414	S(6): 100.0; S(9): 0.0	0.018	0.4036		Medium					Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G35560.1	Transducin/WD40 repeat-like	1	1			1	1																	
EISSQISSVVEPLR	2	AT4G13750.1	S4(Phospho)	1623.79044	S(3): 15.8; S(4): 83.9; S(7): 0.2;	0.018	0.4007		Medium									0							

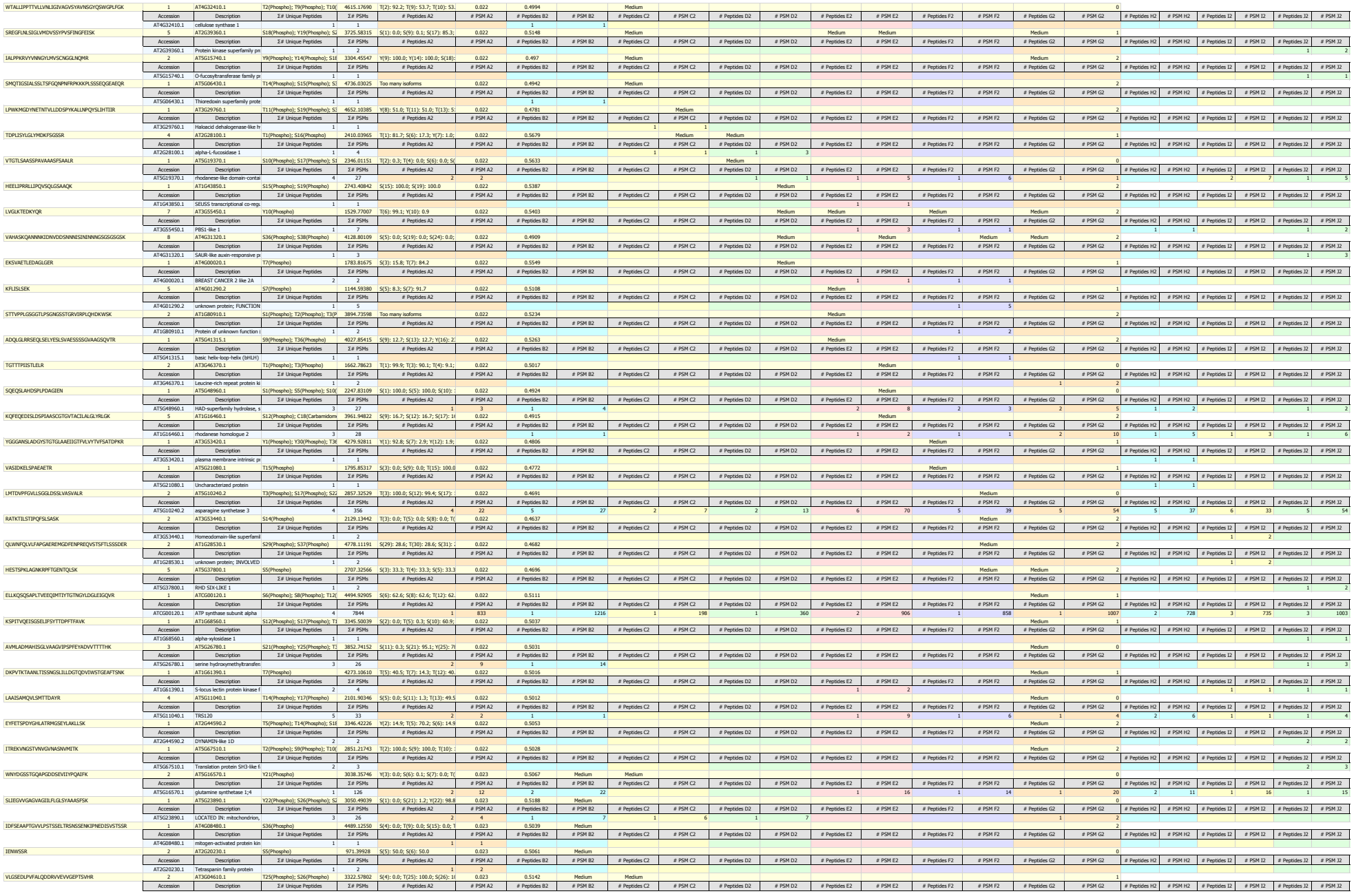




	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51805.2	Leucine-rich repeat protein ki	3	23	2	7	1	7											2	3	1	3	2	3
AKKMKPLVPIDYSTEEQEAVAHGGSGNTPPHLALAAEFAK	3	AT1G60200.1	Y12(Phospho); S13(Phospho)	4363.06491	Y(12): 40.0; S(13): 40.0; T(14): 4	0.019	0.4298								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G60200.1	splicing factor PWI domain-co	6	181	2	35	3	33	1	3	1	8	3	18	3	39	2	29	2	15			1	1
VCGRNKITLVNDHDLNAMELELQDQKPLCNCSNTEANTTTK	1	AT5G14940.1	C2(Carbamidomethyl); T8(Phospl	4985.15346	T(8): 99.9; S(32): 46.7; T(34): 4	0.019	0.4037									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14940.1	Major facilitator superfamily p	1	1																	1	1		
TVQVVPHVTDAIQEWIERVANVPVDGK	1	AT3G12670.1	T1(Phospho)	3079.57070	T(1): 98.3; T(9): 1.7	0.019	0.409									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12670.1	CTP synthase family protein	3	3									1	1							2	2		
FALVGIGAIGCSPNALAQGSQDGTTCVER	1	AT1G29660.1	C11(Carbamidomethyl); S12(Pho	3109.35561	S(12): 23.2; S(20): 73.2; T(24): 5	0.019	0.4373										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29660.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolas	3	23									1	3	1	4	2	9	1	5			2	2
DIFVSVTTSEKK	3	AT1G22530.1	T7(Phospho)	1433.69757	S(5): 6.3; T(7): 43.7; T(8): 43.7;	0.019	0.4356										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22530.1	PATELLIN 2	1	3																			1	3
ELEAIKPLYESQVDKENQTSKR	1	AT2G27170.1	Y9(Phospho)	2685.30832	Y(9): 48.6; S(11): 48.6; T(19): 2.	0.019	0.4429										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27170.1	Structural maintenance of chr	1	1																			1	1
LASSIFALASSSR	1	AT1G31310.1	S10(Phospho)	1389.67234	S(3): 0.5; S(4): 12.4; S(10): 72.3	0.019	0.441										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G31310.1	hydroxyproline-rich glycoprot	1	1																			1	1
AASVSSQSWTGEYQR	1	AT1G08410.1	S6(Phospho)	1736.72744	S(3): 2.9; S(5): 14.3; S(6): 76.2;	0.019	0.4261										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G08410.1	P-loop containing nucleoside	1	1																			1	1
DAISTLATNGAGKYDLTTSTSGDEVILHTGVGPSR	1	AT3G60900.1	S4(Phospho); T5(Phospho); S34(	3744.63003	S(4): 68.6; T(5): 36.3; T(8): 65.9	0.019	0.4273										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G60900.1	FASCICLIN-like arabinogalact	1	1																			1	1
DLDILFTAETHNFPCAVAPYPGAETGAGGR	2	AT1G74260.1	T7(Phospho); C15(Carbamidomet	3307.42031	T(7): 81.8; T(10): 81.8; Y(20): 2	0.02	0.4484	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G74260.1	purine biosynthesis 4	1	2	1	2																		
LFKSSLPVELTEAETEYAVNVVK	1	AT4G34450.1	T11(Phospho); Y17(Phospho)	2726.28788	S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(11): 100.0	0.02	0.4548	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34450.1	coatomer gamma-2 subunit,	9	255	4	15	2	22	2	14	2	9	6	43	6	45	5	21	3	12	6	40	5	34
LYVPEELVHVYREKVVPLASMLTPNQFEAEK	1	AT5G37850.2	Y11(Phospho); S20(Phospho)	3788.83779	Y(2): 83.2; Y(11): 91.6; S(20): 1	0.02	0.45	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G37850.2	pfkB-like carbohydrate kinase	1	1	1	1																		
MGLGKSDTGGEPPEFGAAADGDADRNMILGK	2	AT1G23190.1	T8(Phospho)	3157.40110	S(6): 90.8; T(8): 9.2	0.02	0.4595	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G23190.1	Phosphoglucomutase/phosph	1	20	2	5	1	2	1	2	1	3	1	2			1	2	1	4				
ELYSTPVYTRPFGLSPTSGSDDGLFR	2	AT3G52240.1	S20(Phospho)	3006.36391	Y(3): 0.0; S(4): 0.0; T(5): 0.0; Y(	0.02	0.4546	Medium	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52240.1	unknown protein; Has 220 BI	1	2	1	1	1	1																
IRAIWGSFSTQVK	4	AT3G03380.1	S7(Phospho)	1572.78777	S(7): 96.8; S(9): 3.0; T(10): 0.1	0.02	0.4664	Medium	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G03380.1	DegP protease 7	6	40	1	2	1	2					2	8	2	5	1	5	2	8	2	4	3	6
QIYSAAWYPIGSGYGVGVNNILLADLNDASK	1	AT5G26280.2	Y8(Phospho)	3462.71084	Y(3): 7.2; S(4): 7.2; Y(8): 78.2; S	0.02	0.4537	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G26280.2	TRAF-like family protein	1	1	1	1																		
FNGSIPAGFANLTGLVSLNLAK	1	AT5G24100.1	S17(Phospho)	2284.16562	S(4): 0.0; T(13): 1.1; S(17): 98.9	0.02	0.4565	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24100.1	Leucine-rich repeat protein ki	1	1			1	1																
NYISGVGADSFAVQEAAASGLKSIENFIGLMSR	1	AT2G23320.2	Y2(Phospho)	3482.67368	Y(2): 98.3; S(4): 1.7; S(10): 0.0;	0.02	0.452	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G23320.2	WRKY DNA-binding protein 1	1	1			1	1																
DSLRSTSVEVIQHGACLGLGLAALGTADEDIYDDIK	1	AT1G04810.1	C16(Carbamidomethyl); Y32(Pho	3882.84006	S(2): 0.1; S(5): 0.1; T(6): 0.1; S(	0.02	0.4568	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04810.1	26S proteasome regulatory co	1	9			1	1			1	1	1	7										
DGDTVIGNKTSTEK	1	AT1G03770.1	T12(Phospho)	1544.68650	T(4): 0.0; T(10): 8.1; S(11): 46.0	0.02	0.4488	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G03770.1	RING 1B	1	1			1	1																
SPSPLHHHQAPPPPPPQSSFHHEQDQP	2	AT5G65410.1	S1(Phospho)	3093.36538	S(1): 3.2; S(3): 3.2; S(18): 8.9; S	0.02	0.4598	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65410.1	homeobox protein 25	7	169	4	23	5	31			1	2	5	17	5	29	4	17	2	6	3	16	5	28
VAGRDMDLIELTAYGNWQRAPTSSGCR	5	AT3G47490.3	S23(Phospho); C26(Carbamidom	3017.38382	T(12): 0.0; Y(14): 0.0; T(22): 8.9	0.02	0.4578			Medium								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G47490.3	HNH endonuclease	1	5					1	5														
IVVKVGTAVVTGK	1	AT2G39800.1;AT3G55610.2	T11(Phospho)	1350.77263	T(7): 14.3; T(11): 85.7	0.02	0.455			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39800.1	delta1-pyrroline-5-carboxylate	8	304	6	40	4	37	4	30	3	18	7	35	6	31	3	28	5	23	5	31	5	31
	AT3G55610.2	delta 1-pyrroline-5-carboxylat	1	35	1	6	1	10	2	13	1	3	1	1	1	1	1	1						
SGEGVYVQASTLGSLEALLEYLK	1	AT1G76810.1	Y6(Phospho); S14(Phospho)	2587.19474	S(1): 1.5; Y(6): 98.3; S(10): 5.2;	0.02	0.5212					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76810.1	eukaryotic translation initiatio	1	1							1	1												
TILSDLITVYAK	2	AT5G26742.3	T1(Phospho); T8(Phospho)	1496.71186	T(1): 50.0; S(4): 50.0; T(8): 99.9	0.02	0.5025					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G26742.3	DEAD box RNA helicase (RH3	2	3											2	3								
GIKSSSPSSISAVLNTTTNVTTTPSPTKPTKPETFISR	8	AT3G48560.1	S6(Phospho)	4013.05676	S(4): 17.7; S(5): 17.7; S(6): 17.7	0.02	0.4344					Medium	Medium			Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G48560.1	chlorsulfuron/imidazolinone re	9	521	6	66	6	89			1	4	9	67	9	60	7	46	8	64	6	34	7	91
DLGIDLGGIGIGLGVGLGIGLGGGSGSGAGAGSGSGSGSR	5	AT4G30450.1	S37(Phospho); S39(Phospho)	3429.61045	S(25): 0.2; S(27): 0.4; S(33): 5.9	0.02	0.5139					Medium	Medium		Medium		Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G30450.1	glycine-rich protein	3	9	1	1			1	1			1	1	2	5							1	1
VSVLNLVDLAGSERIAKTGAGGVR	1	AT1G59540.2	S12(Phospho)	2462.30399	S(2): 0.2; S(12): 74.2; T(18): 25.	0.02	0.4996					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G59540.2	P-loop containing nucleoside	1	1									1	1										
CCLSTCRVKLEISGYGGSLR	1	AT5G35995.1	C1(Carbamidomethyl); C2(Carbar	2495.17490	S(4): 0.0; T(5): 0.0; S(14): 95.9;	0.02	0.4793						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35995.1	F-box/RNI-like superfamily pr	1	1											1	1								
TGGFELDISHVTPLTDNYSRNVVDAALFMGR	2	AT1G80680.1	S9(Phospho); T15(Phospho)	3555.60781	T(1): 0.0; S(9): 50.9; T(12): 50.9	0.02	0.4818						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G80680.1	SUPPRESSOR OF AUXIN RESI	1	2											1	2								
VISIASYALPFFNSLQYGR	1	AT2G47840.1	Y17(Phospho)	2226.09482	S(3): 0.0; S(6): 0.0; Y(7): 0.0; S(	0.02	0.4712						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G47840.1	Uncharacterised conserved pr	1	1											1	1								
SSLTTMEEWPEWILEILISNYEK	1	AT2G45540.1	S1(Phospho); S2(Phospho)	2971.30752	S(1): 89.0; S(2): 89.0; T(4): 15.5	0.02	0.4669							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein	13	65	1	1			2	5	1	3	7	21	6	13	2	8	1	4	3	5	3	5
AFEGNISIDDLTEGAAPGQSTIYSLDGSSDYSSTQYK	1	AT1G52290.1	T21(Phospho); Y23(Phospho); S2	4127.65639	Too many isoforms	0.02	0.456							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G52290.1	Protein kinase superfamily pr	1	1													1	1						
TISDVFGPSIWFNAIVGLTHAASVPPDGPNGTASSYDMFVTQR	1	AT2G16640.1	S23(Phospho); Y36(Phospho)	4683.13588	T(1): 5.8; S(3): 5.8; S(9): 15.9; T	0.02	0.4683							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



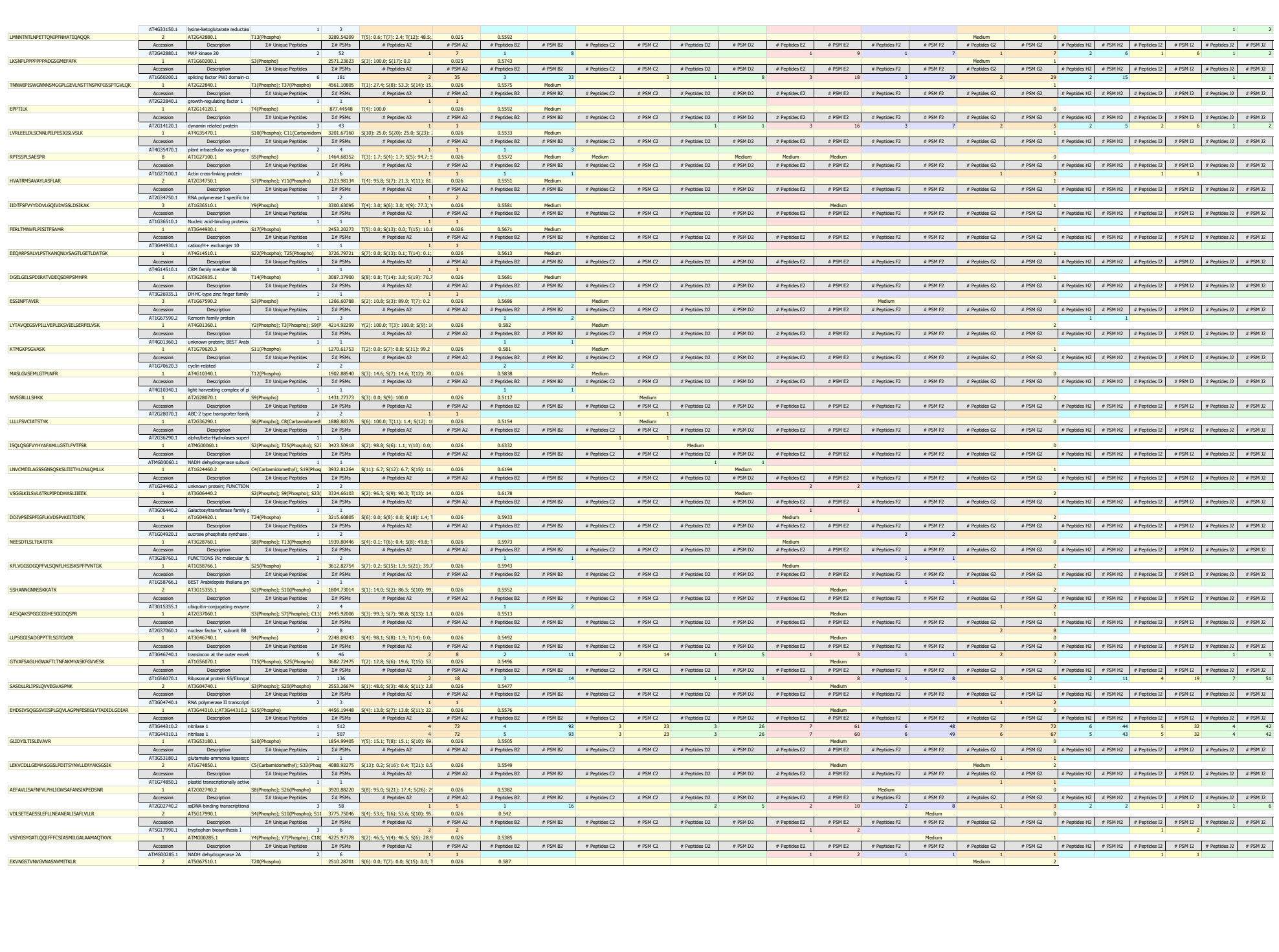


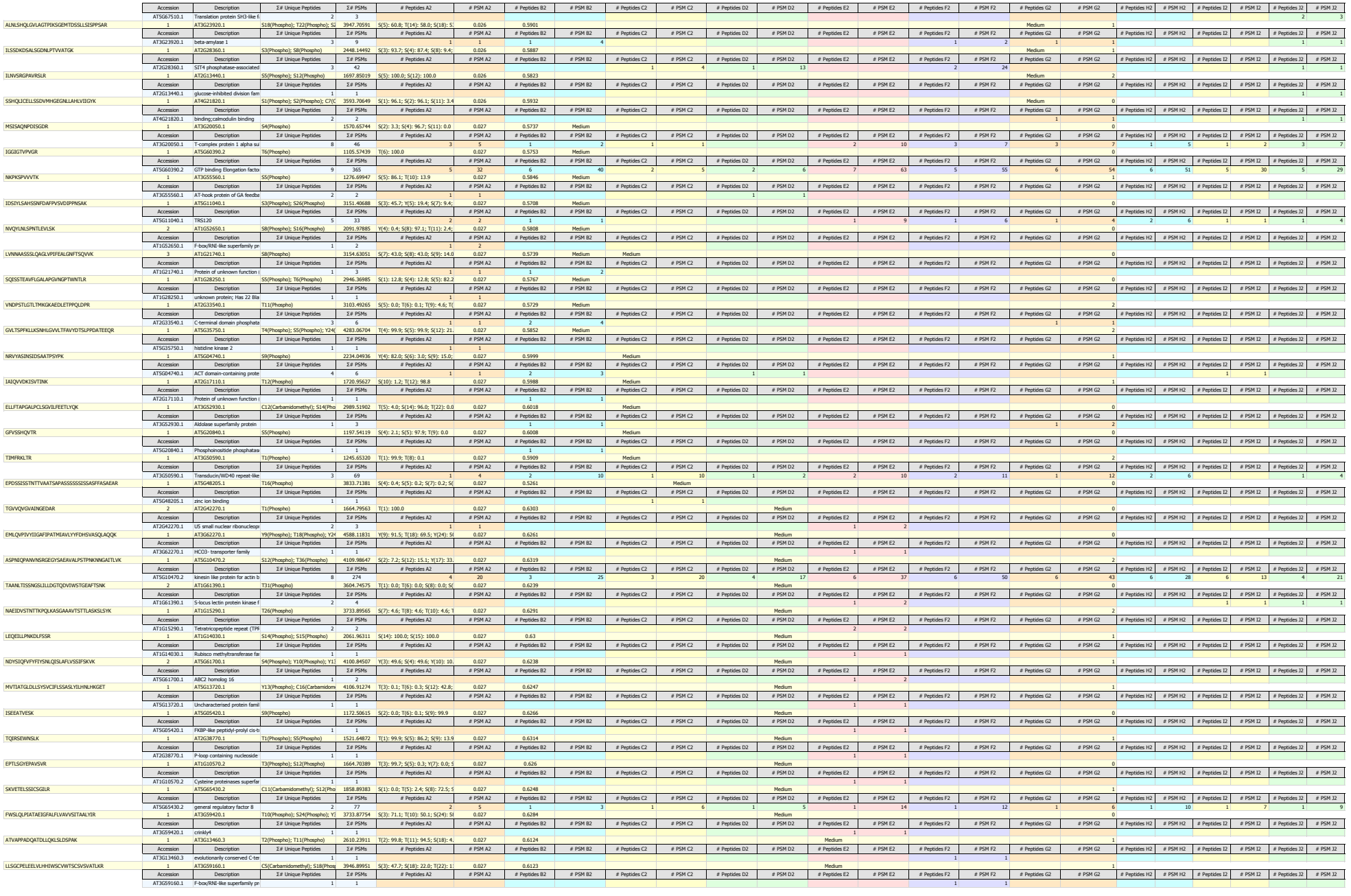


| | | |

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34590.1	Transketolase family protein	2	188	3	27	3	43					3	36	4	27	3	19	3	21	2	7	2	8
EDDTLNILLEFVPGGSISSLLEK	1	AT1G09000.1	T4(Phospho)	2569.26432	T(4): 98.0; S(16): 1.3; S(18): 0.4	0.024	0.5597						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09000.1	NPK1-related protein kinase 1	1	1											1	1								
LPKFTPK	1	AT1G51490.1	T5(Phospho)	910.47698	T(5): 100.0	0.024	0.5499						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51490.1	beta glucosidase 36	1	1											1	1								
SKQEEQEEAEVKEEEESESSR	1	AT5G10680.1	S19(Phospho)	2447.02420	S(1): 0.0; S(16): 0.2; S(18): 1.5;	0.024	0.5654						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G10680.1	calmodulin-binding protein-re	1	1											1	1								
WLRQTGLVVLLPHGYDGQGPEHSSGRLER	1	AT5G65750.1	Y15(Phospho); S23(Phospho)	3417.64231	T(5): 3.2; Y(15): 94.9; S(23): 77.	0.024	0.5623						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65750.1	2-oxoglutarate dehydrogenas	6	429	5	48	8	80	3	38	3	33	6	64	7	45	6	43	6	46	4	17	4	15
ERLSVASFHNTGFGKEIGPMR	1	AT4G25310.1	S7(Phospho)	2413.14310	S(4): 0.0; S(7): 85.7; T(11): 14.2	0.024	0.5539						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25310.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe	1	1											1	1								
YMQQYTDVEISALGMAIATVVTVAEILKNNGFAVEK	1	AT1G29250.1	Y1(Phospho); T19(Phospho); T2	4156.90717	Y(1): 97.2; Y(5): 2.1; T(6): 0.7; S	0.024	0.5546						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protei	1	2											1	1	1	1						
TSIMSAVGLLPAALQGINVREMLTGAALMDEATR	3	AT4G24620.2	T1(Phospho); S2(Phospho); T33(	3740.70554	T(1): 76.0; S(2): 76.0; S(5): 46.8	0.024	0.5618						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24620.2	phosphoglucose isomerase 1	4	10					1	1					1	3	1	1	1	2			1	3
YEDTVNNEEISKPKSMK	1	AT1G32720.1	Y1(Phospho)	2091.92099	Y(1): 100.0; T(4): 0.0; S(11): 0.0	0.024	0.5234						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G32720.1	Cytochrome C oxidase polype	1	1													1	1						
NSVASASASASATPVDRFRR	1	AT1G17210.1	S9(Phospho); S11(Phospho); T1	2289.93454	S(2): 3.0; S(5): 83.1; S(7): 81.9;	0.024	0.5305						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17210.1	IAP-like protein 1	13	202	8	43	5	41	1	3			3	8	5	38	8	29	1	4	2	14	3	22
SAVACAASGKAGGFLAFDWCDGSPVAHLARASFK	1	AT5G67290.1	C5(Carbamidomethyl); S8(Phospl	3562.63735	S(1): 12.8; S(8): 42.2; S(23): 22.	0.024	0.5193						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G67290.1	FAD-dependent oxidoreducta	2	2													2	2						
RQTNSTRVDSIR	1	AT3G61690.1	S10(Phospho)	1512.72791	T(3): 0.4; S(5): 0.4; T(6): 0.1; S(	0.024	0.52						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G61690.1	nucleotidyltransferases	2	2													1	1						
FEILSLSGSFMPTENGGTK	1	AT5G62260.1	T13(Phospho)	2094.94497	S(5): 0.3; S(7): 0.1; S(9): 1.0; T(	0.024	0.5247						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62260.1	AT hook motif DNA-binding fa	1	1													1	1						
SALQNIFAETIVDTKDEFLQTFSTQR	2	AT5G56740.1	T14(Phospho); T21(Phospho); S2	3242.39126	S(1): 0.0; T(10): 0.1; T(14): 99.9	0.024	0.5504						Medium				Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56740.1	histone acetyltransferase of th	3	16	1	4							2	4							1	1	2	7
HAAYGNYSNAAFQYPLVAASQIATTTSPVFVQAPGEK	3	AT5G13490.1	Y4(Phospho); S20(Phospho); T2	4189.77644	Y(4): 64.9; Y(7): 25.6; S(8): 12.0	0.024	0.527						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13490.1	ADP/ATP carrier 2	2	4											1	1	1	3						
AMTSAATGFILTANVPAAIGGGSSK	1	AT2G20260.1	S4(Phospho); T12(Phospho)	2453.12131	T(3): 16.1; S(4): 68.3; T(7): 17.0	0.024	0.5292						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20260.1	photosystem I subunit E-2	2	2													1	1					1	1
SPAAAAAAASVTAAYAIAKSDKSDYPPPANPTLNGNGNSLPER	2	AT5G04420.1	S23(Phospho)	4277.03969	S(1): 0.2; S(10): 0.3; T(12): 0.6;	0.024	0.5294						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G04420.1	Galactose oxidase/kelch repea	4	11											1	1	1	2			3	4	3	4
SGFVKNNNSTQLVEPPSIVNDEEEETEPLLPVEFTLVER	1	AT1G32070.1	S1(Phospho); T26(Phospho)	4559.11787	S(1): 94.5; S(9): 2.3; T(10): 3.3;	0.024	0.5221						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G32070.1	nuclear shuttle interacting	2	2			1	1									1	1						
DFWKQGVAVWNPWLRQVGWIEYEDK	1	AT3G17710.1	Y22(Phospho)	3229.52675	Y(22): 100.0	0.024	0.5284						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G17710.1	F-box and associated interact	1	1													1	1						
QTPLHVATHGGHTK	1	AT4G14400.2	T2(Phospho)	1563.74236	T(2): 99.0; T(8): 1.0; T(13): 0.0	0.024	0.5187						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G14400.2	ankyrin repeat family protein	1	1													1	1						
DLSPPSTADAVNVTATDVPVVPSSSAPGVVRR	3	AT5G03040.1	S3(Phospho)	3241.61460	S(3): 55.7; S(6): 19.2; T(7): 19.2	0.024	0.5282						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03040.1	IQ-domain 2	4	49	2	3	1	2					2	2	2	6	3	14	1	2	1	9	2	11
NRAEEAAEQATLAPLIGSSIQSATGVVYNITGGK	1	AT5G55280.1	T11(Phospho); S18(Phospho)	3576.70195	T(11): 28.6; S(18): 28.6; S(19): 2	0.024	0.5064								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55280.1	homolog of bacterial cytokine	1	1															1	1				
TKTVASSSSSSPKSASKPK	2	AT4G35280.1	S6(Phospho)	1944.96164	T(1): 11.9; T(3): 73.8; S(6): 11.9	0.024	0.5035								Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35280.1	CZH2-like zinc finger protein	1	2																	1	2		
TSGLPSQTSGAGSAYATLPQLPLSPR	1	AT3G13300.2	S24(Phospho)	2637.30686	T(1): 0.0; S(2): 0.0; S(6): 0.0; T(	0.024	0.5097								Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13300.2	Transducin/WD40 repeat-like	11	130	4	24	2	11			1	1	6	19	6	23	3	19	2	9	5	12	3	12
VGPGNFCLVHVSLVPVLSVVGEQKTKPTQHSVR	1	AT3G12670.1	C7(Carbamidomethyl); S18(Phosp	3728.86448	S(12): 0.5; S(18): 99.3; T(25): 3.	0.024	0.5007								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12670.1	CTP synthase family protein	3	3									1	1							2	2		
YSGSSTPASGPIPGGPTIQVDWSLNQARAIR	2	AT1G41830.1	Y1(Phospho); S2(Phospho); S4(P	3423.53872	Y(1): 86.7; S(2): 53.5; S(4): 53.5	0.024	0.5003								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G41830.1	SKU5-similar 6	2	4																	2	4		
LENVLGHFQKDFEGGVSAENLGAKFGGYGSFLSMYQR	1	AT1G02990.3	S17(Phospho)	4132.92837	S(17): 2.3; Y(28): 33.4; S(30): 3	0.024	0.5064								Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G02990.3	FUNCTIONS IN: molecular_fu	1	1																	1	1		
FDYILTQQALVAVDSGAAINR	1	AT3G58610.1	T6(Phospho)	2345.14956	Y(3): 0.3; T(6): 99.7; S(15): 0.0	0.024	0.54										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G58610.1	ketol-acid reductoisomerase	4	173	3	24	3	32	1	1			3	27	3	17	3	22	3	22	3	11	3	17
RPATSLNVVALGNVGAGKSAVLNSLIGHPVLPTGENGATR	1	AT1G59610.1	S5(Phospho); S19(Phospho); S2	4148.03867	T(4): 26.2; S(5): 72.9; S(19): 42.	0.024	0.5469										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G59610.1	dynamin-like 3	1	1																			1	1
SSQSSVPTVPDHLLR	2	AT1G29790.1	T8(Phospho)	1702.80997	S(1): 1.1; S(2): 4.2; S(4): 4.2; S(	0.025	0.547	Medium	Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29790.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	2	1	1	1	1																
LVSGLSSSATILK	2	AT5G45610.1	S8(Phospho); T10(Phospho)	1435.68047	S(3): 0.0; S(6): 4.2; S(7): 18.4; S	0.025	0.5434	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45610.1	protein dimerizations	2	4	1	2									1	1	1	1						
KIVSSTGALSLSEVPK	1	AT1G48030.1	T6(Phospho)	1695.89170	S(4): 3.0; S(5): 14.9; T(6): 80.8;	0.025	0.5378	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G48030.1	mitochondrial lipoamide dehy	1	1	1	1																		
GDTAVAAAATPGANIAELIISR	1	AT5G61780.1	T3(Phospho); S21(Phospho)	2242.06144	T(3): 99.9; T(10): 0.1; S(21): 10	0.025	0.5438	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61780.1	TUDOR-SN protein 2	1	58	1	1							1	10	1	15	1	1			1	16	1	15
AKPVAAPVASSNPSGAAITGATASDAPKAGSR	3	AT2G20790.3	S14(Phospho)	2958.45407	S(10): 2.7; S(11): 8.2; S(14): 89.	0.025	0.5565	Medium							Medium		Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes m	8	264	3	14	4	19	3	30	3	35	3	30	6	41	3	40	3	9	5	21	6	25
ELSSDSSQHVRSALASVIMGMAPILGK	2	AT1G25490.1	S4(Phospho); S12(Phospho)	2944.36246	S(3): 10.3; S(4): 30.2; S(6): 30.2	0.025	0.5446	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G25490.1	ARM repeat superfamily prote	7	184	5	8	1	1	2	17	2	16	6	32	4	24	4	19	3	12	5	34	4	21

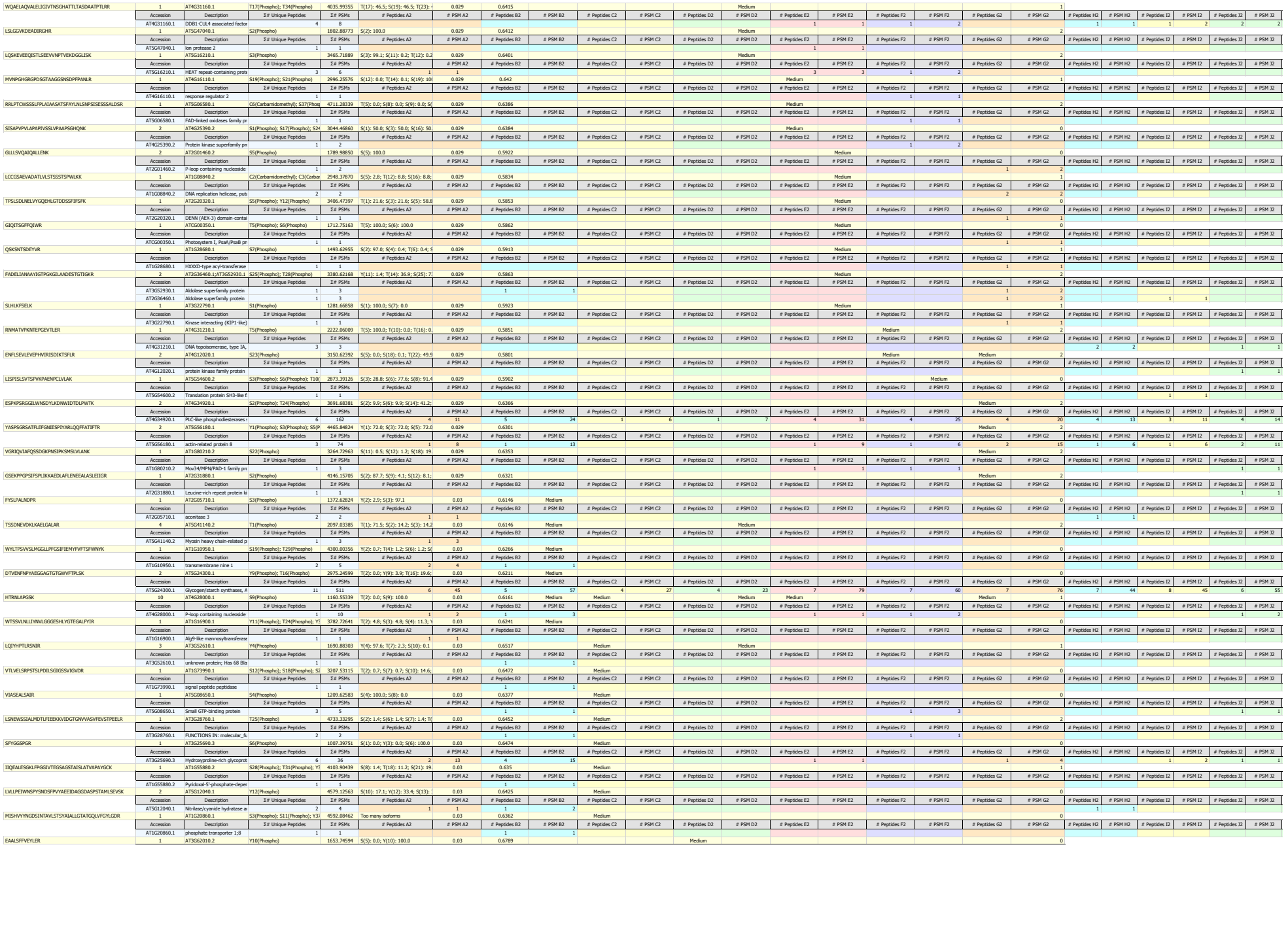
RPLTGPAKVATSIINGTYR	2	AT4G12420.1	T4(Phospho); S12(Phospho)	2175.06644	T(4): 66.6; T(11): 66.6; S(12): 6	0.025	0.5418	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G12420.1	Cupredoxin superfamily prote	1	2	1	2																		
VLLVGTKTHTYIGKPVVTNATVHAVVESQGLNDK	2	AT1G35680.1	T8(Phospho); S28(Phospho)	3748.90444	T(6): 9.1; T(8): 72.5; T(10): 9.2;	0.025	0.5371	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G35680.1	Ribosomal protein L21	1	2	1	2																		
VTGVGILHYSNSKGPASGPLPVSATDVNHPWSAMNQPR	1	AT5G51480.1	T2(Phospho); S32(Phospho)	4101.90200	T(2): 78.6; Y(9): 16.1; S(10): 4.2	0.025	0.5511	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51480.1	SKU5 similar 2	1	1			1	1									1							
HSSSSVSSNGGISLTR	2	AT3G49680.2	S2(Phospho); S3(Phospho)	1735.70461	S(2): 94.3; S(3): 80.1; S(4): 17.7	0.025	0.5666	Medium								Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G49680.2	branched-chain aminotransfe	2	4			1	1					1	2									1	1
QTTKRAFLGLASQNPTPFPVVSR	1	AT4G04080.1	T16(Phospho); S22(Phospho)	2675.31223	T(2): 0.0; T(3): 0.0; S(12): 6.5; T	0.025	0.5623	Medium									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G04080.1	ISCU-like 3	1	1			1	1																
AILNSDRAAGDASSSFSDLKPQVAYLEDIISER	1	AT2G41220.1	S31(Phospho)	3618.72890	S(5): 0.0; S(13): 0.0; S(14): 0.0;	0.025	0.5638	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41220.1	glutamate synthase 2	1	36	2	10	3	16					2	3			2	2	1	2	1	3		
QPCSSTLEIVSKTYSVDSLLPALLR	1	AT2G20190.1	C3(Carbamidomethyl); T13(Phos	2857.43715	S(4): 10.1; S(5): 44.5; T(6): 44.5	0.025	0.5643	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20190.1	CLIP-associated protein	1	1			1	1																
LGGGSLIEYSSSRRLMTSLTDVEVAEPLSK	3	AT5G03430.1	S10(Phospho)	3188.58542	S(5): 0.3; Y(9): 95.0; S(10): 2.3;	0.025	0.5308			Medium						Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03430.1	phosphoadenosine phosphosu	2	3																	1	2	1	1
ASTLISSLAVVLPLTLLAPSMSMK	2	AT4G28670.1	T15(Phospho); S20(Phospho)	2603.31699	S(2): 0.4; T(3): 0.4; S(6): 0.4; S(	0.025	0.6138				Medium		Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28670.1	Protein kinase family protein	1	1													1	1						
TAEIHAEKVDILSSELTR	1	AT5G16730.1	S13(Phospho); S14(Phospho)	2171.99503	T(1): 0.0; S(13): 90.5; S(14): 90.	0.025	0.6059				Medium						1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16730.1	Plant protein of unknown fun	2	2	1	1					1	1												
KSATKAGLKPK	3	AT1G69520.1	T4(Phospho)	1208.67432	S(2): 1.8; T(4): 98.2	0.025	0.6083				Medium				Medium	Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G69520.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	1									1	1										
RVMSSKSFVLDTPR	1	AT2G32800.1	S5(Phospho)	1702.83286	S(4): 3.4; S(5): 42.7; S(7): 42.7;	0.025	0.6113					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32800.1	protein kinase family protein	2	2									1	1			1	1						
VSTKEVFGLPNSDLVPGVYEGGLKLWEGSIDLVK	1	AT4G14000.1	S12(Phospho); S29(Phospho)	3805.86692	S(2): 5.7; T(3): 5.7; S(12): 88.3;	0.025	0.606					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G14000.1	Putative methyltransferase fa	1	1									1	1										
ANVASEDLLKGELR	1	AT5G01310.1	S5(Phospho)	1594.78635	S(5): 100.0	0.025	0.6058					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G01310.1	APRATAXIN-like	1	1									1	1										
HFPSQKALLPLSSFSDASSPPESSTSARGFHLDADAIRR	1	AT4G29310.1	S15(Phospho)	4204.00698	S(4): 46.0; S(12): 10.0; S(13): 2(	0.025	0.6058					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G29310.1	Protein of unknown function (	1	1									1	1										
GSGIELWSEVITGLVGNASRDVLEER	1	AT5G41330.1	S8(Phospho); S19(Phospho)	2946.36051	S(2): 0.1; S(8): 26.0; T(12): 75.3	0.025	0.5801							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/	3	6									1	1	2	4							1	1
EGIIEEEEVNSFNLPIYYTTPKELEDIIRSNGELK	2	AT1G15125.1	T20(Phospho)	4162.00649	S(11): 66.3; Y(17): 5.3; Y(18): 5.	0.025	0.575							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15125.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	2											1	2								
DSLSSDAVRDASSLSDDAAVLSVTSTLAK	1	AT5G35430.1	S25(Phospho); T26(Phospho)	3041.35709	S(2): 0.0; S(4): 0.0; S(5): 0.0; S(	0.025	0.5721							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	5	18					1	3			3	5	2	5			1	1	2	4		
LFVDGLTIGKGDITPDELSAVIK	1	AT2G21385.4	T14(Phospho)	2481.27793	T(7): 21.3; T(14): 57.4; S(19): 2	0.025	0.5393							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G21385.4	unknown protein.	2	2			1	1									1	1						
AMTQDHTQNQIEPPSPVNPRLSSTSLSPVSK	1	AT5G62050.1	T3(Phospho); S30(Phospho)	3506.60261	T(3): 97.3; T(7): 2.6; S(15): 0.1;	0.025	0.5425							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62050.1	homolog of yeast oxidase ass	1	1													1	1						
ILNLGYLSCLVELPSFIGNLHKLSELR	1	AT2G14080.1	Y6(Phospho); S8(Phospho); C9(C	3258.42510	Y(6): 50.0; S(8): 50.0; S(15): 50.	0.025	0.5448							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G14080.1	Disease resistance protein (TI	2	3													1	1					1	2
SGMLAALGPSGSGKTHTVFGSLK	1	AT1G20060.1	T15(Phospho); S21(Phospho)	2363.09159	S(1): 0.0; S(10): 0.2; S(12): 16.4	0.025	0.5382							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G20060.1	ATP binding microtubule mot	1	1													1	1						
VTAISRELHTLNTILDLASQGV	1	AT5G33898.1	T13(Phospho); S19(Phospho)	2511.20945	T(2): 0.0; S(5): 0.0; T(10): 0.2; T	0.025	0.5397							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G33898.1	Protein of unknown function (	1	1													1	1						
LSVIYVGPVLIQSFVDFTSGK	2	AT3G62700.1	Y5(Phospho); T18(Phospho)	2429.17241	S(2): 40.0; Y(5): 40.0; S(13): 40.	0.025	0.5375							Medium			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62700.1	multidrug resistance-associat	1	2													1	2						
EQDVKPTLLPWTPEIDFETNTLAQRTSR	1	AT4G27430.1	T12(Phospho); T21(Phospho)	3445.60194	T(7): 0.1; T(12): 2.1; T(19): 82.6	0.025	0.5419							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27430.1	COP1-interacting protein 7	3	67	2	13	2	10					2	2	2	18	2	8	1	2	1	5	1	9
STLIRLLYATCPSRPSR	1	AT1G67140.1	C11(Carbamidomethyl); S13(Pho	2071.04953	S(1): 12.5; T(2): 12.5; Y(8): 12.5	0.025	0.5192								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G67140.1	HEAT repeat-containing prote	14	51	1	1	2	4	4	9	4	8	2	5	5	11	4	12	1	1				
ALDASGGQSSSTGGFR	1	AT1G45180.1	S9(Phospho)	1577.66452	S(5): 4.0; S(9): 94.7; S(10): 0.9;	0.025	0.5257								Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G45180.1	RING/U-box superfamily prote	2	2															1	1			1	1
EFQAEVLSLGQLDHPNLVK	1	AT3G02810.1	S8(Phospho)	2217.08182	S(8): 100.0	0.025	0.5287								Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G02810.1	Protein kinase superfamily pr	1	1															1	1				
VRTQISIAVAALAVHVPAADWGDGGIISWLR	1	AT5G62600.1	S6(Phospho)	3322.73252	T(3): 50.0; S(6): 50.0; S(28): 0.0	0.025	0.5215									Medium	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62600.1	ARM repeat superfamily prote	1	1																	1	1		
LASILRGQMGFLEEWSLLDRDHSSSLSGATESLK	1	AT1G49890.1	S3(Phospho)	3813.84780	S(3): 96.6; S(16): 3.4; S(23): 0.0	0.025	0.5178									Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G49890.1	Family of unknown function (	1	1																	1	1		
MADAVNAQTPSLSEQYHLEK	1	AT1G22450.1	S11(Phospho); S13(Phospho)	2391.99002	T(9): 0.1; S(11): 99.8; S(13): 50.	0.025	0.5168									Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22450.1	cytochrome C oxidase 6B	4	78	2	2	2	2					1	13	1	11	2	19	1	8	2	9	1	14
IHTLLITLGLSEEEPFVSQTLSFSALSSSGDVDYAYK	1	AT5G08305.1	S27(Phospho); Y34(Phospho); Y3	4257.89663	Too many isoforms	0.025	0.5263									Medium	0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G08305.1	Pentatricopeptide repeat (PP	1	1																	1	1		
IDGAGSNASILDR	1	AT5G65760.1	S9(Phospho)	1368.60944	S(6): 0.0; S(9): 100.0	0.025	0.5713										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65760.1	Serine carboxypeptidase S28	1	1																			1	1
MIAIFPHWASQLMVSK	1	AT5G05640.1	S10(Phospho); S15(Phospho)	2018.90141	S(10): 100.0; S(15): 100.0	0.025	0.5604										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G05640.1	nucleoprotein-related	1	1																			1	1
NGQTTTAMAKTVGIPAAIGALLIEDKIK	2	AT4G33150.1	T6(Phospho)	3018.62436	T(4): 43.4; T(5): 43.4; T(6): 13.1	0.025	0.5609									Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



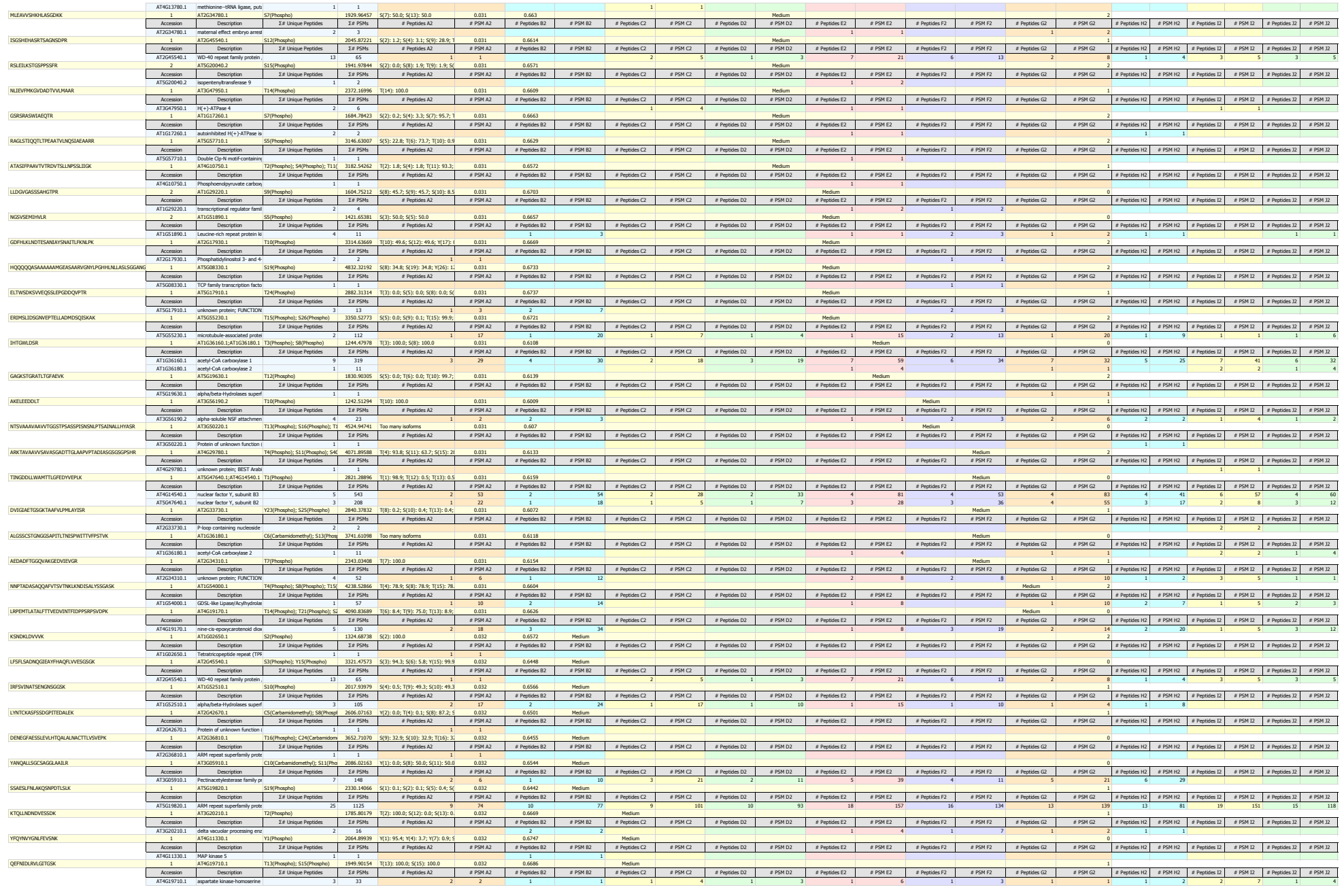


SRGVTLNTITYNSLINGLCQQGCLVEALR	1	AT5G57250.1	S1(Phospho); T5(Phospho); C19(	3410.59096	S(1): 99.9; T(5): 99.9; T(8): 0.1;	0.027	0.6036							Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G57250.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	1											1	1									
SAASHIMSFPAAVNR	1	AT2G26890.1	S4(Phospho); S8(Phospho)	1718.71415	S(1): 3.1; S(4): 96.9; S(8): 100.0	0.027	0.6148							Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G26890.1	DNAJ heat shock N-terminal c	6	28		1	1	2	2	1	5	1	3	1	8	3	4	1	1			2	3	1	1
RAIFLDYDGTLVPESSIVQDPSNEVVSVLK	2	AT1G70290.1	S16(Phospho); S27(Phospho)	3450.64150	Y(7): 0.0; T(10): 0.0; S(15): 1.6;	0.027	0.6101							Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G70290.1	trehalose-6-phosphatase synt	3	6									1	1	2	3					1	1	1	1	
LFEQSSRLTILTGAGVSTECGIPDYR	1	AT5G09230.3	S5(Phospho); C20(Carbamidomet	2950.39777	S(5): 70.0; S(6): 26.7; T(9): 2.2;	0.027	0.5632								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G09230.3	sirtuin 2	1	1													1	1							
GRSPEFMER	2	AT2G20960.1	S3(Phospho)	1188.48467	S(3): 100.0	0.027	0.56								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like	17	588	12	91	11	76	3	21	2	15	8	45	7	43	13	131	2	32	9	72	9	62	
YKLFVGGIAKETSEEALK	2	AT1G58470.1	Y1(Phospho)	2063.04653	Y(1): 100.0; T(12): 0.0; S(13): 0.	0.027	0.5627								Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G58470.1	RNA-binding protein 1	1	2													1	2							
SFTTGTVKSDARSSSSSIITK	1	AT1G51890.1	S17(Phospho)	2240.06888	S(1): 0.1; T(3): 0.1; T(4): 0.1; T(	0.027	0.5458								Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G51890.1	Leucine-rich repeat protein k	4	11			1	3					1	1	2	3	1	2	1	1			1	1	
VLPVLVVLATPSEKDTEALYK	1	AT5G18410.3	T10(Phospho); S12(Phospho); Y2	2525.19303	T(10): 99.9; S(12): 99.9; T(16):	0.027	0.5476								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G18410.3	transcription activators	1	1															1	1					
EVHETELFKHINKFLSTVGYEDSLTYAAAK	1	AT5G44070.1	S16(Phospho); Y26(Phospho)	3600.66172	T(5): 28.6; S(16): 28.6; T(17): 2	0.027	0.546								Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G44070.1	phytochelatin synthase 1 (PC	2	3													1	2	1	1					
LRTAVDVEDVR	1	AT1G74740.1	T3(Phospho)	1352.65281	T(3): 100.0	0.027	0.5494								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G74740.1	calcium-dependent protein ki	1	1															1	1					
IIIITNLLQATAGIGVAAAAAAAAPGGSAHRK	1	AT2G42880.1	T5(Phospho)	3050.60978	T(5): 91.5; T(11): 7.0; S(28): 1.5	0.027	0.5568								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G42880.1	MAP kinase 20	2	52	1	7	1	8					1	9	1	7	1	7	2	6	1	6	1	2	
GLSVSLADLYLSSDLQSRK	1	AT1G63020.1	S5(Phospho)	2132.07602	S(3): 49.0; S(5): 49.0; Y(10): 1.9	0.027	0.5582								Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G63020.1	nuclear RNA polymerase D1A	1	1															1	1					
LTGVPTLVR	1	AT5G42850.1	T6(Phospho)	1035.55754	T(2): 14.5; T(6): 85.5	0.027	0.5632									Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G42850.1	Thioredoxin superfamily prote	1	1																	1	1			
CTEGLIKTLRDITNSAYQPEYDVAGITTDPFLHIR	1	AT1G23900.1	C1(Carbamidomethyl); T2(Phospl	4066.91128	T(2): 98.2; T(8): 2.1; T(13): 4.5;	0.027	0.5575									Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G23900.1	gamma-adaptin 1	2	3					1	2											1	1			
VQWQADNNMFVPFSANLLESFGSRGSQSTNESTNK	1	AT1G32750.1	S14(Phospho)	3881.75136	S(14): 54.0; S(20): 2.2; S(23): 1.	0.027	0.5943									Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G32750.1	HAC13 protein (HAC13)	2	2											1	1							1	1	
MATASALSSLSSLSLHTRTSSLISSSSTK	1	AT2G33800.1	S25(Phospho); S26(Phospho); S2	3151.41611	Too many isoforms	0.027	0.6116										Medium	1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G33800.1	Ribosomal protein S5 family p	3	91			2	6					1	15	1	7	1	10	1	14	1	13	2	26	
EEPVDNAPAKPAPSGPPRGTPPAKPSKGK	1	AT4G12610.1	T20(Phospho)	2957.48398	S(14): 0.0; T(20): 94.9; S(26): 5.	0.027	0.6057										Medium	2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G12610.1	transcription activators;DNA l	1	1																			1	1	
GETNGRPSTISGGGTTGGLTTVDALTYLK	2	AT1G59890.4	T26(Phospho)	2904.39980	T(3): 0.6; S(8): 0.8; T(9): 0.8; S(	0.028	0.5971	Medium										0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G59890.4	SIN3-like 5	1	2	1	2																			
SLNSILSQKR	3	AT1G77600.1	S4(Phospho)	1225.62394	S(1): 5.4; S(4): 89.2; S(7): 5.4	0.028	0.5965	Medium	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G77600.1	ARM repeat superfamily prote	1	1	1	1																			
RHDNLPELSKLLFSLGGSR	1	AT4G17616.1	S9(Phospho); S14(Phospho); S18	2379.05654	S(9): 100.0; S(14): 100.0; S(18):	0.028	0.5966	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G17616.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	1	1	1																			
VFSLPIAASVSSSSAAPSVSR	2	AT3G15360.1	S9(Phospho)	2100.72837	S(3): 0.1; S(9): 61.2; S(11): 14.8	0.028	0.6156	Medium	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G15360.1	thioredoxin M-type 4	2	32	2	6	2	12					1	3	1	6			1	4			1	1	
NKILGAAVNGTLKSALESTSSEPLGK	1	AT3G61780.1	T11(Phospho); S21(Phospho)	2745.35415	T(11): 49.9; S(14): 49.9; S(18): (	0.028	0.5999	Medium										2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G61780.1	embryo defective 1703	2	2	2	2																			
LFLVDLGLASK	2	AT2G25760.1	S10(Phospho)	1255.67264	S(10): 100.0	0.028	0.5731		Medium						Medium			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G25760.1	Protein kinase family protein	1	1			1	1																	
GSSQQSTLSADVMSLVDTLPVLAKTLIAGGAAGAIAK	2	AT1G14560.1	T7(Phospho); S9(Phospho)	3630.80776	S(2): 13.2; S(3): 13.2; S(6): 33.4	0.028	0.6058		Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G14560.1	Mitochondrial substrate carrie	1	2			1	2																	
SPKTPSPDFAIYIK	1	AT1G73600.1	Y12(Phospho)	1643.80962	S(1): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 0.0; Y(	0.028	0.6147		Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT1G73600.1	S-adenosyl-L-methionine-dep	1	1			1	1																	
MKLTGLSPYWFDVSSGTAVHNTVDMQSLFLLTGPNGGGKSSLLR	2	AT3G24320.1	S27(Phospho)	4762.34788	T(4): 10.6; S(7): 14.4; Y(9): 14.4	0.028	0.6029		Medium									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G24320.1	MUTL protein homolog 1	2	3			2	3																	
SSSPYARRPSPPR	3	AT3G23270.1	Y5(Phospho)	1537.72441	S(1): 1.1; S(2): 6.7; S(3): 46.1; Y	0.028	0.5698		Medium							Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G23270.1	Regulator of chromosome cor	1	2			1	2																	
YQVKEDEETPRNGAK	3	AT3G15220.1	T9(Phospho)	1843.83506	Y(1): 0.0; T(9): 100.0	0.028	0.619		Medium			Medium				Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G15220.1	Protein kinase superfamily pr	1	3			1	1			1	1					1	1							
ILSTPPVMAPLGIPFCSASVGGDR	2	AT4G31440.1	T4(Phospho); C16(Carbamidomet	2682.13979	S(3): 50.0; T(4): 50.0; S(17): 99.	0.028	0.6188		Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G31440.1	unknown protein; BEST Arabi	1	2			1	2																	
TSMRMAKTAFPGLGSPTHVDVSYDGK	3	AT3G19240.1	S2(Phospho)	2946.38100	T(1): 50.0; S(2): 50.0; T(8): 0.0;	0.028	0.5594		Medium							Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G19240.1	Vacuolar import/degradation,	2	4			1	2											1	1	1	1			
SSGDGVYSGSTCKQGEIEAVVIATGVHTFFGK	4	AT3G47950.1	S8(Phospho); S10(Phospho); C12	3448.49321	S(1): 18.1; S(2): 18.1; Y(7): 25.2	0.028	0.5281			Medium								1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT3G47950.1	H(+)-ATPase 4	2	6					1	4			1	1			1	1			1	1			
NLFLNASFDLSLR	1	AT4G01810.1	S7(Phospho)	1589.78252	S(7): 100.0; S(11): 0.0	0.028	0.5271			Medium								0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT4G01810.1	Sec23/Sec24 protein transpo	3	3					1	1			2	2											
ASEMLAYAHETQHEKIRGLALGIALTVYGR	1	AT2G32730.1;AT1G04810.1	T11(Phospho); Y29(Phospho)	3571.73545	S(2): 19.4; Y(7): 42.3; T(11): 41.	0.028	0.6625					Medium						2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT2G32730.1	26S proteasome regulatory c	3	21			1	1	2	2	1	1	3	9	1	3	1	2			1	3			
	AT1G04810.1	26S proteasome regulatory c	1	9			1	1			1	1	1	7											
VPVPPHLVDVSDDEDVQNLQESLGEAR	1	AT5G63220.1	S11(Phospho)	3037.42417	S(11): 100.0; S(22): 0.0	0.028	0.6547					Medium						0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2	
	AT5G63220.1	unknown protein; CONTAINS	1	1							1	1													
ARSPSPPQTAAASSAGASSPAVLVNAGSVDWTGHGLALSVR	1	AT1G17210.1	S13(Phospho); S14(Phospho); S1	4220.86195	Too many isoforms	0.028	0.6328							Medium				1							

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17210.1	IAP-like protein 1	13	202	8	43	5	41	1	3			3	8	5	38	8	29	1	4	2	14	3	22
NAAVTDVVHLDSDSDSDNGVVGGRESASTIAGAATMAPR	2	AT4G36280.1	T29(Phospho)	3893.77602	T(5): 0.3; S(12): 1.4; S(14): 1.4;	0.028	0.6212					Medium	Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36280.1	Histidine kinase-, DNA gyrase	2	3									1	1	2	2								
NVPRWGTKWVCLQVLSVTCLFVSAVAAAGSVIGIVSDLK	2	AT1G44100.1	T7(Phospho); C11(Carbamidomet	4601.07143	T(7): 100.0; S(16): 100.0; T(18):	0.028	0.6391					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G44100.1	amino acid permease 5	1	2									1	2										
MISSGFHPDGIALVAVLSACSHAGLVEK	2	AT1G17630.1	S4(Phospho); S18(Phospho); C2(	3106.34536	S(3): 96.8; S(4): 95.6; S(18): 53.	0.028	0.6328					Medium		Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17630.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	2									1	1			1	1						
SSSSGNYDGMLGFGDLREVRPGSGHGNRQNVR	2	AT1G79090.1	S1(Phospho); S3(Phospho); S4(P	3726.45993	S(1): 74.7; S(2): 74.7; S(3): 48.3	0.028	0.633					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79090.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	1	2									1	2										
AVPAPYWHSLIKSLTSSTSSLGLAYAVVSWLQK	1	AT5G42310.1	Y6(Phospho); S9(Phospho); S19(	3960.72126	Too many isoforms	0.028	0.6352					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42310.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	3	3			1	1					1	1									1	1
LGLVVSSVSAPNVELR	1	AT5G19940.2	S9(Phospho)	1719.89829	S(6): 4.7; S(7): 4.7; S(9): 90.6	0.028	0.6294					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G19940.2	Plastid-lipid associated protei	2	4											1	1			1	3				
MPREIITLQVGQCGNQIGMEFWK	1	AT3G61650.1	T7(Phospho); C13(Carbamidomet	2815.31328	T(7): 100.0	0.028	0.623					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G61650.1	gamma-tubulin	1	1											1	1								
SVGLKGFADSEGFRTR	1	AT4G05631.1	T15(Phospho)	1806.85073	S(1): 0.0; S(10): 1.2; T(15): 98.8	0.028	0.6259					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G05631.1	unknown protein; Has 30201	1	1											1	1								
KPVLVRSSPHLSNGLSSLSLQTDSQTRVLLCADPCGGNR	1	AT4G13680.1	S7(Phospho); T26(Phospho); C3	4380.11977	S(7): 47.9; S(8): 47.9; S(12): 3.4	0.028	0.6282					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13680.1	Protein of unknown function (	1	1											1	1								
KPAGITTLQRISTGIFLSIISMVIAALVEMK	1	AT1G72140.1	T6(Phospho); S18(Phospho); S2	3541.79551	T(6): 37.4; T(7): 26.0; S(12): 23.	0.028	0.6175					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72140.1	Major facilitator superfamily p	2	2											2	2								
GRVSCSVTVTPGISNFFKGLHGGAVASIAER	1	AT3G61200.1	C5(Carbamidomethyl); T10(Phosp	3334.59372	S(4): 2.2; S(6): 8.3; T(8): 16.5; T	0.028	0.6243					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G61200.1	Thioesterase superfamily prot	1	1											1	1								
EIEDSDELALAMELYVQRGKAVIIGGGFLGLEISSALR	1	AT3G09940.2	S34(Phospho); S35(Phospho)	4223.08413	S(5): 0.6; Y(15): 0.6; S(34): 99.4	0.028	0.5793							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G09940.2	monodehydroascorbate reduc	1	1													1	1						
LYNKVPPNGLVLYTGTIVTDDGK	1	AT3G26618.1	Y13(Phospho)	2557.30826	Y(2): 5.1; Y(13): 89.7; T(14): 5.1	0.028	0.5713							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G26618.1	eukaryotic release factor 1-3	2	53	2	14	2	21							1	2	2	5	1	1	2	5	2	5
VVGTFGYLAPELTKSGKLTTSTDVYAFGAVLLEVACGR	1	AT3G55550.1	S15(Phospho); C36(Carbamidom	4071.06242	T(4): 0.9; Y(7): 0.9; T(13): 18.7;	0.028	0.5762							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G55550.1	Concanavalin A-like lectin pro	1	1													1	1						
LSHLLFHNHIPGNSVLRWK	1	AT2G32800.1	S2(Phospho)	2348.21807	S(2): 99.8; S(14): 0.2	0.028	0.5826							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32800.1	protein kinase family protein	2	2									1	1			1	1						
RALLNLVESAKPGDVLVVHYSGHGTR	2	AT1G79330.1	S9(Phospho)	2868.47843	S(9): 99.9; Y(20): 0.1; S(21): 0.0	0.028	0.5672								Medium	Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79330.1	metacaspase 5	1	2															1	1	1	1		
AGLSSNVSGSPIKIDNKAPSSLPLPILNILK	2	AT1G11750.2	S5(Phospho); S20(Phospho)	3303.74448	S(4): 9.1; S(5): 9.1; S(8): 22.5; S	0.028	0.5702									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G11750.2	CLP protease proteolytic subu	2	71	1	7	1	17					1	13	1	5	1	3	2	6	1	9	1	11
ISLMEKPELGAASVLNQWEK	1	AT1G02150.1	S13(Phospho)	2323.13540	S(2): 0.4; S(13): 99.6	0.028	0.5617									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G02150.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	10									1	2					2	2	1	3	1	3
ISSLLVRKSAK	1	AT1G09770.1	S9(Phospho)	1281.72828	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 100.0	0.028	0.5742									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09770.1	cell division cycle 5	1	1																	1	1		
WITDLDLLTGLR	1	AT3G46970.1	T3(Phospho)	1495.75843	T(3): 98.6; T(9): 1.4	0.028	0.612									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G46970.1	alpha-glucan phosphorylase 2	6	37			1	1					3	19	2	3			1	2	3	5	3	7
LREASGGDNNDDKDHSGGGGSALANTR	1	AT1G75520.1	S5(Phospho); S21(Phospho)	2831.14516	S(5): 100.0; S(16): 0.1; S(21): 9	0.028	0.614									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G75520.1	SHI-related sequence 5	1	1																			1	1
EMVENDVSPNLTTFNILIDGFWKDDNLPGSMKVFK	2	AT1G09820.1	S8(Phospho); T13(Phospho); S3(	4253.87312	S(8): 78.7; T(12): 78.7; T(13): 4.	0.028	0.6224									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09820.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	2																			1	2
KSSLSFMGIK	1	AT3G45780.1	S3(Phospho)	1177.56670	S(2): 13.9; S(3): 85.6; S(5): 0.5	0.029	0.6094	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45780.1	phototropin 1	8	289	8	68	6	69					3	23	4	16	5	43	4	21	3	22	5	27
ANDSTGNNISGDRSR	2	AT1G24190.2	S4(Phospho)	1643.67734	S(4): 50.0; T(5): 50.0; S(10): 0.0	0.029	0.6112	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G24190.2	SIN3-like 3	2	7	1	2									1	4	1	1						
LPILVSLSALNEDQLVQVLTEPKSALGK	2	AT5G49840.1	S24(Phospho)	3055.66738	S(6): 0.0; S(8): 0.0; T(20): 1.3; S	0.029	0.6137	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G49840.1	ATP-dependent Clp protease	2	52	2	9	1	10	1	7	1	4	1	2	1	9	1	7			1	2	1	2
NESSAVGSVNRSVVSNDSLSANAGAVSGTPR	2	AT1G16710.2	S20(Phospho); S27(Phospho); T2	3229.36611	S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.1; S(	0.029	0.593	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G16710.2	histone acetyltransferase of th	2	2	2	2																		
NPTQTLFSPGGNSPASSPASHPSSLFPQINNCRTIR	1	AT5G48910.1	T3(Phospho); T5(Phospho); C32(	3997.79287	T(3): 15.3; T(5): 62.3; S(8): 35.7	0.029	0.606	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G48910.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	1	1	1																		
EANSGGGGGAEGGRAVTGGGGGGGGSDVELVSK	1	AT2G32080.2	S32(Phospho)	2840.24942	S(4): 0.0; T(17): 0.1; S(26): 4.2;	0.029	0.629			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32080.2	purin-rich alpha 1	2	2			1	1									1	1						
EASFGHALLEIK	4	AT2G18130.1	S3(Phospho)	1394.67578	S(3): 100.0	0.029	0.6306	Medium								Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G18130.1	purple acid phosphatase 11	1	2			1	1											1	1				
QFLPKINWDSLDIK	1	AT3G18100.2	S10(Phospho)	1796.88945	S(10): 100.0	0.029	0.628	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18100.2	myb domain protein 4r1	1	1			1	1																
RFVSWIDIGLVANDAFVPLIFELILSDGLSEQVR	1	AT1G72560.1	S4(Phospho); S26(Phospho); S3(	4071.96889	S(4): 100.0; S(26): 100.0; S(30):	0.029	0.6194	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72560.1	ARM repeat superfamily prote	1	1			1	1																
DGLGSSVGDVLPNVGSSLQPGGSLLPR	2	AT4G32551.1	S6(Phospho); S16(Phospho)	2738.27578	S(5): 23.6; S(6): 75.4; S(16): 47.	0.029	0.6311	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32551.1	LisH dimerisation motif;WD40	4	9	1	3	2	4									1	1	1	1				
LVGENKGVADTQIR	1	AT4G33650.1	T11(Phospho)	1579.78946	T(11): 100.0	0.029	0.6757				Medium							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33650.1	dynamin-related protein 3A	5	42							1	1	4	15	1	2	2	5	2	5	3	9	3	5
GVTVNDSGVPEVKPGCVADGLQFQTPTKKTEK	1	AT1G22870.1	S7(Phospho); C16(Carbamidomet	3546.65859	T(3): 84.8; S(7): 14.8; T(25): 6.5	0.029	0.6432					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22870.1	Protein kinase family protein	1	1									1	1										



	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62010.2	unknown protein; LOCATED I	3	10			1	1			1	1	1	1	1	1	2				2	3	1	1
NTVSSLRGTSKEVIR	2	ATSG24350.1	S5(Phospho); T9(Phospho)	1806.84171	T(2): 4.0; S(4): 4.0; S(5): 92.0; T	0.03	0.6514					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG24350.1	CONTAINS InterPro DOMAIN	2	3	1	1							1	2										
LALGRLGAICEQLAELNSDGFEVILVSSGAVGLGR	4	AT3GS5610.2;AT2G39800.1	C10(Carbamidomethyl); S18(Pho	3664.87832	S(18): 98.3; S(27): 1.3; S(28): 0.	0.03	0.6522					Medium	Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39800.1	delta1-pyrroline-5-carboxylate	8	304	6	40	4	37	4	30	3	18	7	35	6	31	3	28	5	23	5	31	5	31
	AT3G55610.2	delta 1-pyrroline-5-carboxylat	1	35	1	6	1	10	2	13	1	3	1	1	1	1	1	1						
LIRYGSLHGTVLGLEAVTANGNVLDMLGTLRK	2	AT4G36400.1	S6(Phospho); T29(Phospho)	3541.80898	Y(4): 21.5; S(6): 78.3; T(10): 0.2	0.03	0.6597					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36400.1	FAD-linked oxidases family pr	1	2											1	2								
KNILVIGPVPGQKYSEITPILAPDPATNK	1	ATCG00540.1	S15(Phospho); T18(Phospho); T2	3460.68838	Y(14): 52.9; S(15): 52.9; T(18):	0.03	0.6614						Medium				2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATCG00540.1	photosynthetic electron trans	1	1											1	1								
ETKPGPSMVSVLVDPREGGNGDIDGMMGGTKPQSR	2	AT3GS6660.1	T2(Phospho); S35(Phospho)	3858.71229	T(2): 81.3; S(7): 15.8; S(11): 4.5	0.03	0.661						Medium				1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3GS6660.1	basic region/leucine zipper m	1	2											1	2								
LIDMIDVPLSHIPVSVYDTSVEWLDK	1	AT3G11880.1	Y17(Phospho); S20(Phospho)	3144.45224	S(10): 0.0; S(15): 0.0; Y(17): 8.0	0.03	0.6559						Medium				0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G11880.1	Protein of unknown function (	1	1											1	1								
AIPSNASDNVYCTLLAQSAVHGAMAGYSGFTVGPVNSR	1	AT5G61580.2	S4(Phospho); C12(Carbamidomet	4042.78394	S(4): 12.0; S(7): 87.6; Y(11): 1.3	0.03	0.6051							Medium			0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G61580.2	phosphofructokinase 4	1	1													1	1						
TVVLTGGSACLPGLSERLER	1	AT5GS6180.1	S8(Phospho); C10(Carbamidomet	2195.09140	T(1): 0.0; T(5): 0.0; S(8): 0.3; S(	0.03	0.6054							Medium			1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5GS6180.1	actin-related protein 8	3	74	1	8	1	13					1	9	1	6	2	15	1	6	1	6	2	11
TLGGILLPSTAQSKPQGGEVVAVGEGRTIGKNK	1	AT5G20720.1	T28(Phospho)	3342.76967	T(1): 0.0; S(9): 0.0; T(10): 0.0; S	0.03	0.604							Medium			2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20720.1	chaperonin 20	3	4			1	1							1	2	1	1						
DYIENSGTGGNWIALPQKIGLR	1	AT5G65790.1	S6(Phospho)	2482.19716	Y(2): 3.4; S(6): 93.2; T(8): 3.4	0.03	0.5946								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65790.1	myb domain protein 68	1	1															1	1				
ASKSSTTISLIIILLISLAEANLLSSPTPTNNFGSCPR	1	AT4G22490.1	S25(Phospho); S26(Phospho); C	4147.06508	S(2): 0.0; S(4): 0.0; S(5): 0.0; T(	0.03	0.5899								Medium		1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G22490.1	Bifunctional inhibitor/lipid-tra	1	1															1	1				
NLVSPGSADEETLAAEISSVPWLEELRKLR	2	AT3G57980.1	S4(Phospho); S7(Phospho); T12(	3629.60371	S(4): 99.5; S(7): 98.6; T(12): 95.	0.03	0.5867								Medium		2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G57980.1	DNA-binding bromodomain-c	1	2															1	2				
LKPPFPANAGLYGCPTTVTNWETVAVSPTILR	1	AT5G08530.1	Y12(Phospho); C14(Carbamidom	3543.75625	Y(12): 98.4; T(16): 1.3; T(17): 1.	0.03	0.5961								Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G08530.1	51 kDa subunit of complex I	7	207	4	36	4	61	1	4	2	3	5	23	3	17	5	26	5	28	2	5	2	4
HADPGSLGGSGLGLDPMLPYLG	1	AT5G35970.1	S10(Phospho)	2204.00942	S(6): 5.2; S(10): 21.2; Y(20): 73.	0.03	0.5965								Medium		0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35970.1	P-loop containing nucleoside	1	1																	1	1		
SPLAQLSVSLSNLNSANTILNSSSHSIK	3	AT5G49360.1	S26(Phospho)	2962.49281	S(1): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 0.0; S(	0.03	0.6518										Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG49360.1	beta-xylosidase 1	4	72	2	8	2	19			2	3	1	8	1	8	1	9	2	13			2	4
SNLKGRALSSDGSTQESPYVVCFGEMLIDFVPTTSGLSLADAPAFK	2	AT1G66430.1	S1(Phospho); C22(Carbamidomet	4943.36181	S(1): 41.6; S(9): 18.8; S(10): 8.9	0.03	0.6473										Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G66430.1	pfkB-like carbohydrate kinase	1	2																			1	2
VASSSKTKPTVPPSKK	1	AT4G31880.2	T7(Phospho); T10(Phospho)	1801.88248	S(3): 0.2; S(4): 0.5; S(5): 4.9; T(	0.03	0.651										Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G31880.2	LOCATED IN: cytosol; EXPRE	1	1																			1	1
QRLTSTSHDATEKSDSSTSLNNSSLPDIPDPLDLSGSSLLNR	1	ATSG17690.1	S19(Phospho); S23(Phospho)	4616.11294	T(4): 2.6; S(5): 2.6; T(6): 2.6; S(	0.03	0.6423										Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG17690.1	like heterochromatin protein (	1	1																			1	1
LSCEIVSGKSLLVTGPNGSGKTSVFR	1	AT4G39850.1	S2(Phospho); C3(Carbamidomet	2853.35048	S(2): 49.3; S(7): 49.3; S(10): 1.2	0.03	0.6455										Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G39850.1	peroxisomal ABC transporter	1	1																			1	1
VDVSTFEEVLVPIGFK	2	AT2G43910.1	S4(Phospho)	1858.92020	S(4): 12.0; T(5): 88.0	0.031	0.642	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43910.1	HARMLESS TO OZONE LAYER	2	3	1	2	1	1																
GGLTEKVAR	1	AT5G60790.1	T4(Phospho)	1010.49675	T(4): 100.0	0.031	0.6345	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSG60790.1	ABC transporter family protei	4	88	3	8	2	6					3	13	2	19	2	9	3	16	3	5	3	12
FTHNVSVDVR	1	AT1G34420.1	T2(Phospho)	1253.56894	T(2): 99.7; S(6): 0.3	0.031	0.6385	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G34420.1	leucine-rich repeat transmem	1	1	1	1																		
SNLTGVRIFPTLSR	1	AT5G17990.1	S1(Phospho); T4(Phospho); T11(	1880.74883	S(1): 100.0; T(4): 100.0; T(11):	0.031	0.6431	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17990.1	tryptophan biosynthesis 1	3	6	2	2							1	2							1	2		
LSGVGSSVVILSSQGDPPDLWQPPGDGVSVRVNGSSVNLGR	3	AT5GS3350.1	S7(Phospho)	4169.07290	S(2): 53.5; S(6): 24.5; S(7): 11.8	0.031	0.6394	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATSGS3350.1	CLP protease regulatory subu	1	3	1	3																		
LADLELSMNRLTGPIPASFGK	1	AT5G12940.1	S7(Phospho); T12(Phospho)	2390.12821	S(7): 98.2; T(12): 21.8; S(18): 8	0.031	0.6333	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G12940.1	Leucine-rich repeat (LRR) fan	1	1	1	1																		
TINSVESWEGGVLVVVSGSVKTKEFSNR	2	AT5G43960.2	S4(Phospho)	3088.53220	T(1): 49.3; S(4): 49.3; S(7): 1.5;	0.031	0.6336	Medium									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G43960.2	Nuclear transport factor 2 (N	1	2	1	2																		
VYSNWSSYPQLVVKGELMGGSDIVLEMQKSGELK	1	AT4G04950.1	S30(Phospho)	3915.84638	Y(2): 0.0; S(3): 0.0; S(6): 0.0; S(	0.031	0.6323	Medium									2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G04950.1	thioredoxin family protein	2	6	1	1							1	2			1	3						
ATSGDSLKIK	1	AT3G44480.1	S6(Phospho)	1099.53923	T(2): 0.5; S(3): 0.5; S(6): 99.1	0.031	0.6616	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G44480.1	Disease resistance protein (TI	2	4			2	4																
EFAANAITGDGKVFTGTSLYAGESLPDSQLSLVYSGDCGSR	2	AT3G14067.1	T8(Phospho); S35(Phospho); C3	4480.89614	T(8): 14.2; T(15): 75.5; T(17): 7.	0.031	0.6603	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14067.1	Subtilase family protein	3	8	1	1	2	4							1	1			1	2				
TGMKHEVVGLQLPILNMSSLQVIYEDHR	1	AT5G16280.1	S19(Phospho); Y24(Phospho)	3367.58860	T(1): 0.0; S(18): 2.4; S(19): 98.2	0.031	0.6637	Medium									1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G16280.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	3	21			2	2					1	3	1	5	1	6	1	4	1	1		
ISLGICLMLVVASSVIYEAQGTFLLNHYLK	1	AT3G28830.1	C6(Carbamidomethyl); T22(Phos	3432.77451	S(2): 0.0; S(13): 0.0; S(14): 0.0;	0.031	0.666	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28830.1	Protein of unknown function (	3	4	2	2	1	1															1	1
VAMQSAEASGSLSEQTLTQALATAR	1	AT4G08520.1	T16(Phospho)	2601.21840	S(5): 0.0; S(9): 0.0; S(11): 0.0; S	0.031	0.5543	Medium									0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G08520.1	SNARE-like superfamily protei	1	1					1	1														
AAMTVLNKHGSSSSVIAAATGAALAASTSIR	2	AT5G08550.1	S27(Phospho)	2994.49070	T(4): 0.0; S(11): 0.0; S(12): 0.0;	0.031	0.553			Medium							1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G08550.1	GC-rich sequence DNA-bindin	1	2					1	2														
DIVSQAMVLAASSSDGSKVELVEPPK	1	AT4G13780.1	S12(Phospho)	2737.33950	S(4): 7.1; S(12): 42.6; S(13): 16.	0.031	0.5536			Medium							1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



WVSLVGSNPWRHSGYIELSEEYLLSNR	1	AT3G48770.1	Y22(Phospho)	3271.55898	S(3): 0.0; S(7): 0.0; S(13): 0.4; Y	0.032	0.6666		Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G48770.1	DNA binding;ATP binding	1	1			1	1															
TSLNGIPLLVLGNKIDKPGALSK	1	AT3G49870.1	S2(Phospho); S22(Phospho)	2508.32242	T(1): 20.9; S(2): 79.1; S(22): 10	0.032	0.5688				Medium							1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G49870.1	ADP-ribosylation factor-like A	1	1					1	1														
QLLLLLLLFIVHGVESAPPHSCDPSNPTTK	1	AT1G78060.1	C23(Carbamidomethyl); T30(Pho	3473.78628	S(16): 0.1; S(22): 0.9; S(26): 14.	0.032	0.6704						Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G78060.1	Glycosyl hydrolase family prot	1	1									1	1										
AVLDAATIAGLHPLHLIHETTATALAYGIYK	1	AT1G79920.1	T7(Phospho); T20(Phospho); T23	3564.63087	T(7): 99.5; T(20): 95.8; T(21): 8	0.032	0.6681						Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79920.1	Heat shock protein 70 (Hsp 7	3	10	2	3	1	1			1	1	1	1	1	1	1	1	1	1			1	1
ASINGVQQTVISVMDAAGTPDAANYFPFLR	1	AT2G45560.1	S2(Phospho); T19(Phospho); Y2	3380.45376	S(2): 99.4; T(9): 95.5; S(12): 94.	0.032	0.6695						Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45560.1	cytochrome P450, family 76,	2	3	1	2							1	1										
RIASTLTLHASAFRSK	2	AT5G44740.1	T5(Phospho); T7(Phospho)	1918.93137	S(4): 18.3; T(5): 84.7; T(7): 96.8	0.032	0.6776						Medium						2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G44740.1	Y-family DNA polymerase H	1	2									1	2										
TEQLLLVENAITTYGFLLKFTDFILLRPSPSK	2	AT1G51900.1	Y14(Phospho); T21(Phospho)	3890.00806	T(1): 83.4; T(12): 83.4; Y(14): 2	0.032	0.6238						Medium		Medium				2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51900.1	Regulator of Vps4 activity in t	1	1																1	1			
KLLELGDAAANYHEVLTENQKLFNELQELK	1	AT1G18410.1	T17(Phospho)	3550.76914	Y(12): 0.4; T(17): 99.6	0.032	0.6691						Medium						2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G18410.1	P-loop containing nucleoside	1	1									1	1										
NISSLGFPLVYDTR	2	AT1G73460.1	S4(Phospho)	1661.78757	S(3): 48.9; S(4): 48.9; Y(11): 2.2	0.032	0.6745						Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G73460.1	Protein kinase superfamily pr	2	8	1	3							1	2	1	2					1	1		
YGGGGGSFGGGGGGGAGSYGGGGAGAGSGGGGGFSK	1	AT1G13020.1	Y1(Phospho); S7(Phospho); S18(	3176.92690	Y(1): 100.0; S(7): 100.0; S(18):	0.032	0.685						Medium						0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13020.1	eukaryotic initiation factor 4B	2	2			1	1							1	1								
TAKTIASPGRGILAMDESNATCGK	1	AT4G38970.1	T21(Phospho); C22(Carbamidom	2529.18300	T(1): 0.2; T(4): 0.1; S(7): 0.2; S(	0.032	0.6775						Medium						2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38970.1	fructose-bisphosphate aldolas	7	546	5	65	5	100	1	4	2	11	6	61	7	54	5	86	5	48	6	62	6	55
LNYLPGPLKK	1	AT5G51060.1	Y3(Phospho)	1222.65351	Y(3): 100.0	0.032	0.6176							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51060.1	NADPH/respiratory burst oxid	1	1													1	1						
IGSSVIAHEVKLSSGETR	1	AT1G36160.1	T17(Phospho)	1949.96189	S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(13): 0.9; S	0.032	0.6215							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G36160.1	acetyl-CoA carboxylase 1	9	319	3	29	4	30	2	18	3	19	7	59	6	34	7	32	5	25	7	41	6	32
AKPTLPTNFEENTWEKLQSAIRAIFLK	1	AT5G46210.1	T4(Phospho); T13(Phospho)	3305.62856	T(4): 96.0; T(7): 96.0; T(13): 6.7	0.032	0.6205							Medium					2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G46210.1	cullin4	2	4	1	3											1	1						
MKSLLK	1	AT2G20430.1	S3(Phospho)	799.41637	S(3): 100.0	0.032	0.6182							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20430.1	ROP-interactive CRIB motif-co	1	1													1	1						
TIEEMYQKKSQLEHILLRPDTYIGSIEK	1	AT3G23890.2	Y6(Phospho); S10(Phospho)	3522.69834	T(1): 28.3; Y(6): 28.3; S(10): 26.	0.032	0.6222							Medium					2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G23890.2	topoisomerase II	1	1													1	1						
LGWSNETPATIGKVMR	1	AT5G13530.2	S4(Phospho)	1839.89141	S(4): 49.8; T(7): 49.8; T(10): 0.4	0.032	0.6185							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13530.2	protein kinases;ubiquitin-prot	3	27									1	2	1	19	3	6						
TLETAFGHCAPVTCLALSPDNNFLVTGSR	2	AT2G45540.1	C9(Carbamidomethyl); C14(Carbo	3228.47028	T(1): 0.0; T(4): 0.0; T(13): 0.0; S	0.032	0.6268							Medium					0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein	13	65	1	1			2	5	1	3	7	21	6	13	2	8	1	4	3	5	3	5
LPSSIGKLIHLKYLSLYQASVTYLPSSLR	1	AT1G59780.1	S3(Phospho); S4(Phospho); S26(	3567.70986	Too many isoforms	0.032	0.6276							Medium					2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G59780.1	NB-ARC domain-containing di	1	1													1	1						
ANGLVVSGSVCDASVR	1	AT5G06060.1	S7(Phospho); C11(Carbamidomet	1670.75466	S(7): 99.7; S(9): 0.3; S(14): 0.0	0.032	0.6254							Medium					0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G06060.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	22			1	2					1	7	1	1	2	3	1	2	1	1	1	6
ASGGINSAPRVTVLFPLSASVELNSLGEDVLK	1	AT1G42440.1	S2(Phospho); S20(Phospho); S2	3492.68471	S(2): 68.2; S(7): 32.2; S(18): 53.	0.032	0.6201							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G42440.1	FUNCTIONS IN: molecular_fu	2	2			1	1									1	1						
TFQTTANLANLLPTGTVLAFQILSPICTNVGRCDLTSR	1	AT5G46090.1	T1(Phospho); T4(Phospho); C27(	4324.08300	T(1): 97.7; T(4): 88.0; T(5): 13.2	0.032	0.6295							Medium					1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G46090.1	Protein of unknown function (	1	1													1	1						
GEDLFVEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGR	1	AT3G44110.1	C17(Carbamidomethyl); T24(Pho	3384.59836	T(9): 1.9; S(11): 10.6; T(13): 1.9	0.032	0.6174								Medium				0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G44110.1	DNA3 homologue 3	6	634	4	101	5	121			1	1	4	78	4	75	4	103	5	46	4	46	4	63
ITSISDIIEGFASEALRTLCLVYK	3	AT2G41560.1	T2(Phospho); S5(Phospho); C20(	2859.36123	T(2): 30.6; S(3): 55.7; S(5): 71.9	0.032	0.6188								Medium				1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G41560.1	autoinhibited Ca(2+)-ATPase	3	22	1	1	1	1	1	6	1	8	1	1					1	3			1	2
NWAIRTVALVSACSSPIILLSGK	1	AT5G17250.1	C13(Carbamidomethyl); S21(Pho	2536.34438	T(6): 0.0; S(11): 0.0; S(14): 0.0;	0.032	0.624									Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17250.1	Alkaline-phosphatase-like fam	1	1																	1	1		
SKSANVLAVLGAVASEALDLTGLYFSGKPK	1	AT1G22620.1	S1(Phospho); S3(Phospho); S15(	3406.46987	S(1): 100.0; S(3): 100.0; S(15):	0.032	0.6171									Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22620.1	Phosphoinositide phosphatase	1	1																	1	1		
SKPTTEYTEDDFAFHISSNVEAAYHFSQLSHPLLK	2	AT2G29340.3	T4(Phospho)	4089.89179	S(1): 29.9; T(4): 29.9; T(5): 29.9	0.032	0.6256									Medium			0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29340.3	NAD-dependent epimerase/d	1	2																	1	2		
MSAESCPGSSGDQSSSKGVATHGGSYVQYNVYGNLFEVSRK	1	AT4G01370.1	C6(Carbamidomethyl); S16(Phosp	4777.81418	Too many isoforms	0.032	0.6205									Medium			2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01370.1	MAP kinase 4	3	185	3	27	2	25	2	11	2	7	2	29	1	18	2	23	2	23	3	8	2	14
LSLRTSSTVACLPPASSSSSSSSSSSSRSVPTLIR	2	AT3G01500.3	T8(Phospho); C11(Carbamidomet	3619.74624	S(2): 6.8; T(5): 15.5; S(6): 15.5;	0.032	0.619									Medium			2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G01500.3	carbonic anhydrase 1	8	1267	6	148	8	197	3	47	5	56	10	154	9	104	9	165	10	126	12	117	9	153
LDILSDDFDPTAVVTEPLPPPVTNGIGADKGGGGGER	2	AT1G43710.1	T11(Phospho)	3756.77524	S(5): 25.0; T(11): 25.0; T(15): 25	0.032	0.6208									Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43710.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-de	2	3	1	1															1	2		
HVEANFNNPTVPPSSKPSPAAAAAASYTMGGGSVPPPPPPK	1	AT1G55160.1	S14(Phospho); S15(Phospho); S1	4554.73056	T(10): 88.4; S(14): 88.4; S(15): 8	0.032	0.6744										Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G55160.1	unknown protein; FUNCTION	1	1																			1	1
GRGILISGNSKSDTILYTNGR	2	AT3G18060.1	S12(Phospho)	2302.15647	S(7): 1.0; S(10): 2.4; S(12): 17.4	0.032	0.6692										Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G18060.1	transducin family protein / W	1	2																			1	2
SSNILLSDSYEAKVSDYGLAPIISSTSAPNR	1	AT3G02880.1	Y17(Phospho); T26(Phospho)	3415.57724	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.032	0.667										Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G02880.1	Leucine-rich repeat protein ki	2	12			1	3													1	6	2	3
MDILPRIYHLLETEPTAALEDSIISVTIAIAR	1	AT4G38440.1	T13(Phospho); T27(Phospho)	3724.86806	Y(8): 0.3; T(13): 49.9; T(16): 49.	0.032	0.6732										Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38440.1	LOCATED IN: chloroplast; EX	1	1																			1	1
EAFISPSRQLLLLSYHSEALLLPLVAGR	1	AT4G39420.2	S5(Phospho); Y16(Phospho)	3366.75144	S(5): 50.0; S(7): 50.0; S(15): 19.	0.032	0.6746										Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

| | | |

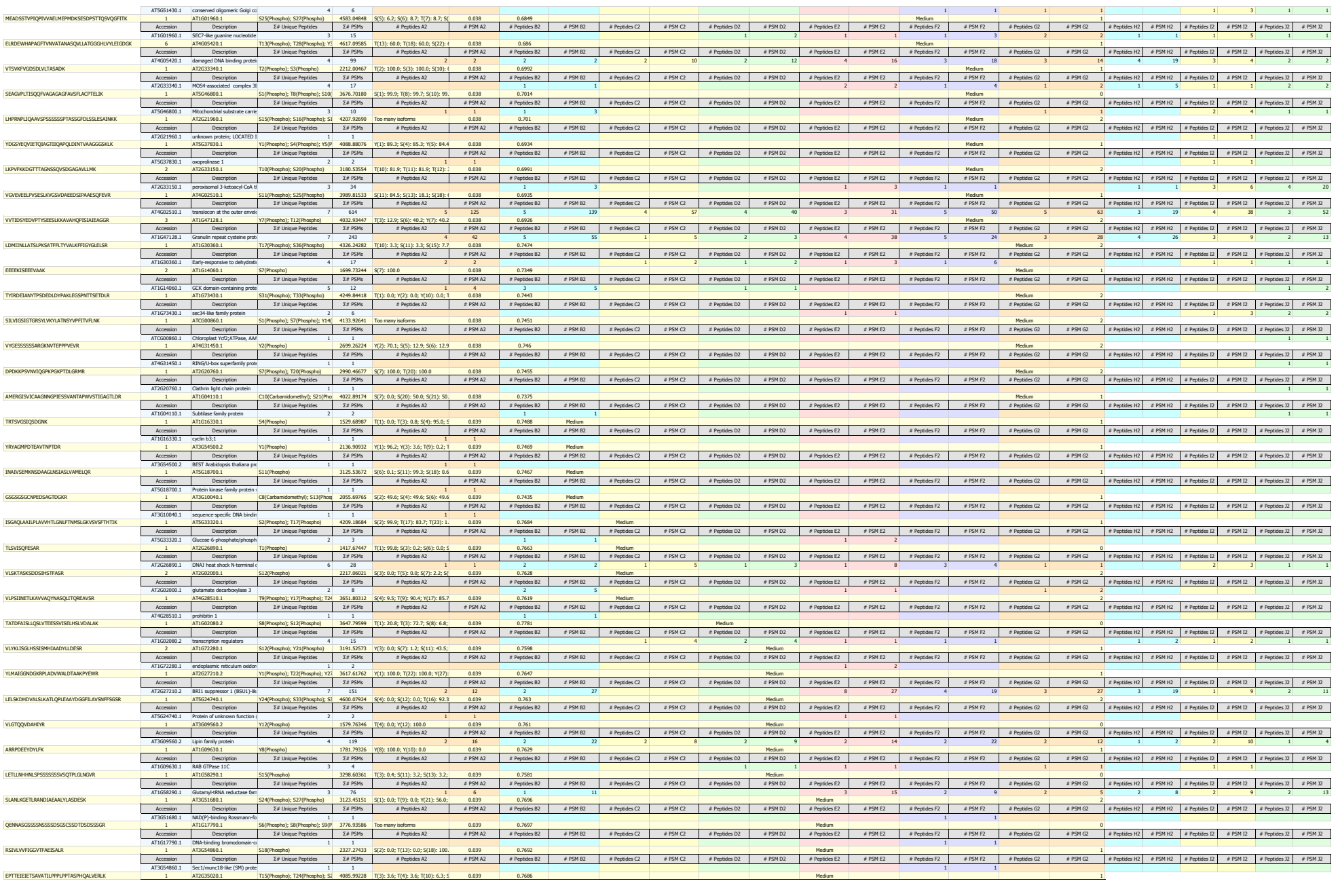
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17380.1	associated protein 19	1	1																			1	1
SGDPSKALQLLGMAQATGLSAKTATLVSIISALADSGR	1	AT5G42310.1	S36(Phospho)	3779.97602	S(1): 0.0; S(5): 0.0; T(17): 0.0; S	0.033	0.6825										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G42310.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	3	3			1	1					1	1									1	1
KISEEDYVK	1	AT3G03780.1	Y7(Phospho)	1190.53398	S(3): 1.7; Y(7): 98.3	0.033	0.6761										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G03780.1	methionine synthase 2	1	145	4	21	3	40	2	10	3	13	2	17	2	12	2	16	2	10	1	1	3	5
ISVSRLSLNHPGSK	1	AT4G17560.1	S7(Phospho)	1574.79985	S(2): 12.5; S(4): 12.5; S(7): 74.9	0.034	0.6728	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17560.1	Ribosomal protein L19 family	1	1	1	1																		
ESWVPPTSATVQLR	1	AT1G54010.1	T10(Phospho)	1650.79264	S(2): 0.0; T(7): 0.0; S(8): 0.4; T(	0.034	0.6795	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54010.1	GDSL-like Lipase/Acylhydrolas	1	57	2	11	2	14					1	8			1	10	2	7	1	5	1	2
LETAFESLR	1	AT1G77122.1	S7(Phospho)	1145.52593	T(3): 0.0; S(7): 100.0	0.034	0.6823	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77122.1	Uncharacterised protein famil	1	1	1	1																		
KFSATLQHISGSSSQVTTELDILGVIVECKSWK	1	AT5G24740.1	S12(Phospho); C29(Carbamidom	3740.89304	S(3): 6.0; T(5): 6.0; S(10): 20.6;	0.034	0.676	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24740.1	Protein of unknown function (	2	2	1	1							1	1										
QESLITSVVFAGMLIGAYSWGIVSDK	2	AT3G13050.1	S3(Phospho); T6(Phospho); S24(	3011.35178	S(3): 97.4; T(6): 77.2; S(7): 25.4	0.034	0.6727	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13050.1	Major facilitator superfamily p	2	3	2	3																		
GVSSYMQLVPLVGEVHGFFSSLPRSIISR	2	AT4G13750.1	S4(Phospho); S25(Phospho)	3322.59023	S(3): 17.0; S(4): 17.0; Y(5): 65.9	0.034	0.6849	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G13750.1	Histidine kinase-, DNA gyrase	2	4	1	2	1	2																
TGGKPGSPGKSSEGHVK	1	AT5G55850.3	S7(Phospho)	1689.79665	T(1): 0.1; S(7): 99.1; S(11): 0.6;	0.034	0.7027	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55850.3	RPM1-interacting protein 4 (F	2	2			2	2																
LAVTEAEASKRK	1	AT3G61390.1	S9(Phospho)	1382.71021	T(4): 0.0; S(9): 100.0	0.034	0.7065	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G61390.1	RING/U-box superfamily prote	1	1			1	1																
ETSKQIHALEHIEEGLQVTNAENNSETAQLK	1	AT2G21770.1	T19(Phospho)	3541.68203	T(2): 0.2; S(3): 0.4; T(19): 96.7;	0.034	0.7026	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G21770.1	cellulose synthase A9	1	1			1	1																
QEMESISTGLGSKSKPCTK	1	AT5G06770.1	T8(Phospho); C17(Carbamidomet	2147.98848	S(5): 9.3; S(7): 45.4; T(8): 45.4;	0.034	0.5865			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G06770.1	KH domain-containing protein	1	1					1	1														
HLISKNVLTSKDLGAGCLLYGSMLDDIGIDLPK	1	AT2G24050.1	S4(Phospho); C17(Carbamidomet	3636.82192	S(4): 86.2; T(9): 8.6; S(10): 4.5;	0.034	0.7306					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G24050.1	MIF4G domain-containing pro	1	1							1	1												
TISIEKQTTISRPK	1	AT4G17330.1	S3(Phospho); T9(Phospho)	1761.85617	T(1): 0.2; S(3): 3.5; T(8): 96.3; T	0.034	0.7247					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G17330.1	G2484-1 protein	5	105	1	15	1	19	1	1	1	1	1	11	2	14	1	14	1	6	1	8	2	16
GSGGAGGGTGGSVGAGGGVGVGGGGGIGGGAGGGVGGGVGGGV	1	AT4G01985.1	S2(Phospho); S12(Phospho)	3511.53000	S(2): 94.5; T(9): 37.3; S(12): 68.	0.034	0.723					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION:	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
NFNLRLQLEKTQESNSELILAVQDLEEMLEEK	1	AT1G63300.1	S16(Phospho)	3883.90207	T(11): 9.1; S(14): 45.4; S(16): 45	0.034	0.6916					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63300.1	Myosin heavy chain-related p	1	1									1	1										
SYYLFDGYAHLSSGLACGLAGLSAGMAIGIVGDAGVRANAQQPK	1	AT2G16510.1	S13(Phospho); C17(Carbamidom	4507.17788	S(1): 0.1; Y(2): 0.1; Y(3): 0.1; Y(	0.034	0.6921					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16510.1	ATPase, F0/V0 complex, subu	1	1									1	1										
KPSKSSHNDSNPNGEGGVNSYYIPNSGISSISKPSSK	1	AT4G15415.2	S35(Phospho); S36(Phospho)	3980.75901	S(3): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(	0.034	0.7071						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15415.2	Protein phosphatase 2A regul	1	1											1	1								
GLIPVLYAGSARASHDESTEEAIEFATQYGK	1	AT5G56350.1	Y7(Phospho); S10(Phospho)	3470.57810	Y(7): 99.3; S(10): 92.7; S(14): 7.	0.034	0.7143						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56350.1	Pyruvate kinase family protei	2	2											1	1	1	1						
GLSAVAMATSAQR	1	AT2G45540.1	S3(Phospho); T9(Phospho); S10(	1502.55278	S(3): 100.0; T(9): 100.0; S(10):	0.034	0.7151						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein	13	65	1	1			2	5	1	3	7	21	6	13	2	8	1	4	3	5	3	5
LAILASDAYLSLLISTNCPVFTFPSPIAFLSLLGSIR	1	AT4G15890.1	S15(Phospho); T16(Phospho); C1	4191.15085	S(6): 5.6; Y(9): 8.6; S(11): 11.9;	0.034	0.7131						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15890.1	binding	3	3											1	1							2	2
STSTIGTTQTTAQVHPQLFTRK	1	AT5G67290.1	S1(Phospho)	2483.23459	S(1): 65.5; T(2): 10.8; S(3): 10.8	0.034	0.6499							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G67290.1	FAD-dependent oxidoreducta	2	2													2	2						
ESFIEAPVSMLASGEDEPVTPQEGDYAANTQEER	1	AT5G40450.1	T20(Phospho)	3776.60080	S(2): 0.7; S(9): 4.2; S(13): 1.7; T	0.034	0.6534							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTION:	37	1895	23	321	22	341	22	156	15	139	14	138	22	242	22	279	13	94	10	62	14	123
RSFGLPLSSTNSAR	2	AT3G58770.1	S8(Phospho); T10(Phospho)	1652.72075	S(2): 0.0; S(8): 3.0; S(9): 97.4; T	0.034	0.6544							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G58770.1	unknown protein; Has 38 Bla	2	8													2	6	1	2				
TAQLVMAAFITMTVFIRTR	1	AT3G53480.1	T18(Phospho)	2250.15058	T(1): 0.0; T(11): 5.9; T(13): 5.9;	0.034	0.6535							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G53480.1	pleiotropic drug resistance 9	1	1													1	1						
AVLSLEPNVVFGGKMRDDLVEALTAQCIEVESEADCWVR	2	AT5G58550.2	S4(Phospho); T25(Phospho); C2	4729.15297	S(4): 32.3; Y(9): 68.2; T(25): 92.	0.034	0.6389								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G58550.2	ETO1-like 2	1	2															1	2				
SPVLQYLYYLAQIGLAMSPLSNNSLFLDYHR	1	AT2G38280.1	S1(Phospho); Y29(Phospho)	3746.76455	S(1): 76.3; Y(6): 21.2; Y(8): 1.9;	0.034	0.6468									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / m	10	133	5	27	4	27	3	19	2	9	1	1	2	17	1	14	3	6	4	11	2	2
KGWSITVHDLSGSPVAMASMVTPFVPSPGSNR	1	AT3G19680.1	S27(Phospho); S30(Phospho)	3472.58755	S(4): 0.2; T(6): 0.2; S(11): 0.2; S	0.034	0.6512									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19680.1	Protein of unknown function (	1	1																	1	1		
TLDSPQVISVSRVSAAVAALYERSLLEEK	2	AT3G04160.1	S9(Phospho); S11(Phospho)	3291.63100	T(1): 2.2; S(4): 7.2; S(9): 89.6; S	0.034	0.6505									Medium	Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04160.1	unknown protein; Has 1711 E	2	2																			2	2
AILKDPRILLLDEATSALDAESER	1	AT2G47000.1	T15(Phospho); S22(Phospho)	2799.37116	T(15): 95.5; S(16): 22.6; S(22): 8	0.034	0.6881										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G47000.1	ATP binding cassette subfami	1	1																			1	1
QLSLKEADEITAATK	1	AT1G54580.1	T11(Phospho)	1697.82756	S(3): 0.3; T(11): 17.0; T(14): 82.	0.034	0.6877										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G54580.1	acyl carrier protein 2	1	1																			1	1
ADQIDLKSLDEQLERHLSR	1	AT5G50000.1	S8(Phospho); S18(Phospho)	2426.11374	S(8): 100.0; S(18): 100.0	0.034	0.6979										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G50000.1	Protein kinase superfamily pr	1	1																			1	1
GGVIDEDAILVRALDAGIVAQAALDVFTK	1	AT4G34200.1	T27(Phospho)	2907.47060	T(27): 100.0	0.034	0.6898										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34200.1	D-3-phosphoglycerate dehydr	3	64	2	9	3	10	1	4	1	5	1	9	2	10	1	8	1	2	1	2	2	5
SLICLSLILPLVSVVEGLGGGGGLGSRKPIK	1	AT4G16500.1	S1(Phospho); C4(Carbamidomet	3522.75747	S(1): 100.0; S(6): 100.0; S(14):	0.035	0.6949	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G16500.1	Cystatin/monellin superfamily	1	1	1	1																		

RHSFISSHGK	2	AT1G17210.1	S3(Phospho)	1235.56775	S(3): 33.3; S(6): 33.3; S(7): 33.3	0.035	0.6982	Medium						Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G17210.1	IAP-like protein 1	13	202	8	43	5	41	1	3			3	8	5	38	8	29	1	4	2	14	3	22
SLSVASSTTSDPTR	1	AT2G28940.2	S3(Phospho)	1488.65503	S(1): 14.5; S(3): 78.2; S(6): 3.0;	0.035	0.6985	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28940.2	Protein kinase superfamily pr	1	1	1	1																		
TIGCSYGNLIAEANKGNAPSSVFVYALLHVVR	1	AT3G04740.1	C4(Carbamidomethyl); S5(Phospl	3580.70814	T(1): 20.0; S(5): 59.8; Y(6): 20.0	0.035	0.6879	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04740.1	RNA polymerase II transcripti	2	3	1	1											1	2						
RFSIGTSATDK	1	AT3G21810.1	T6(Phospho); S7(Phospho); T9(P	1422.51396	S(3): 0.8; T(6): 99.8; S(7): 100.0	0.035	0.6889	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G21810.1	Zinc finger C-xB-C-x5-C-x3-H	1	1	1	1																		
NVPRQSPQAYGSDR	1	AT3G62330.1	S6(Phospho)	1583.69744	S(6): 95.5; Y(10): 3.7; S(12): 0.8	0.035	0.6871	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62330.1	Zinc knuckle (CCHC-type) fan	3	17	3	9	1	3									1	5						
LTLLLGPPGSGKSTLLK	1	AT3G30842.1	T2(Phospho)	1775.00553	T(2): 99.2; S(10): 0.8; S(13): 0.0	0.035	0.7204	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G30842.1	pleiotropic drug resistance 10	1	1	1		1	1																
SYSLCDITACPVAPGPIVLTLPNIFTPR	1	AT2G16005.1	S1(Phospho); C5(Carbamidometh	3232.52041	S(1): 43.5; Y(2): 43.5; S(3): 12.6	0.035	0.7119	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16005.1	MD-2-related lipid recognitior	2	7			2	6									1	1						
IHTYVLNV	2	AT5G17170.2	T3(Phospho)	1038.49492	T(3): 50.0; Y(4): 50.0	0.035	0.7129	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17170.2	rubredoxin family protein	1	2			1	2																
NTIGTPPGGWVAIR	1	AT5G07130.1	T5(Phospho)	1518.74065	T(2): 1.9; T(5): 98.1	0.035	0.7212	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G07130.1	laccase 13	1	1			1	1																
FLPNHFSSVYPGAVTINLGSSGFIACSLEK	2	AT3G22850.1	S20(Phospho); C26(Carbamidom	3372.55478	S(7): 0.0; S(8): 0.0; Y(10): 0.0; T	0.035	0.7123	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G22850.1	Aluminium induced protein w	1	2			1	2																
LKKDEDSLGTGDPK	2	AT1G15020.1	S7(Phospho)	1582.74187	S(7): 12.4; T(10): 87.6	0.035	0.7112	Medium				Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G15020.1	quiescin-sulfhydryl oxidase 1	1	2			1	1					1	1										
VTKSVSCHQSLYPYLLYYCHSVPKVR	1	AT1G23760.1	S6(Phospho); C7(Carbamidometh	3424.51113	T(2): 49.4; S(4): 49.4; S(6): 17.6	0.035	0.7344				Medium							2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G23760.1	BURP domain-containing prot	1	1			1	1																
ENITEFALDVIRELEGSSEGTR	1	AT3G55110.1	S17(Phospho)	2545.17177	T(4): 6.5; S(17): 84.8; S(18): 6.5	0.035	0.7331					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G55110.1	ABC-2 type transporter family	1	1							1	1												
TTTIYNTNETVVDGNGDCGGGDGGGGGSLGLSMIK	1	AT5G17430.1	T3(Phospho); T7(Phospho); T10(	3614.40046	T(1): 25.8; T(2): 25.8; T(3): 25.8	0.035	0.7334					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17430.1	Integrase-type DNA-binding s	1	1							1	1												
SPLDSSRSVALLETPASRNGGSSSQFPIR	1	AT2G02480.1	T14(Phospho)	3096.50747	S(1): 0.0; S(5): 0.1; S(6): 0.1; S(	0.035	0.7414					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G02480.1	AAA-type ATPase family prote	1	1							1	1												
KALLQDIALMTGADYLSGDLGMSLMGATSDQLGVSRR	1	AT5G18820.1	S29(Phospho); S35(Phospho)	4014.87989	T(11): 1.2; Y(15): 0.3; S(17): 0.6	0.035	0.7137					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18820.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam	2	2									1	1					1	1				
LISYSPLGLGMLTGKYSSSK	2	AT5G53580.1	S3(Phospho); S5(Phospho); T13(	2421.98574	S(3): 77.6; Y(4): 29.6; S(5): 89.0	0.035	0.7048					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53580.1	NAD(P)-linked oxidoreductase	2	7									2	4	1	1			1	2				
VKTVIDASLVAGFTIRYGESGSK	1	AT4G09650.1	S8(Phospho); T14(Phospho)	2558.23125	T(3): 0.6; S(8): 99.1; T(14): 80.0	0.035	0.7164					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G09650.1	ATP synthase delta-subunit g	1	1									1	1										
LVFLLAIALVLFLNTELSFLTAEGASDSNSK	2	AT4G21640.1	T15(Phospho); S28(Phospho)	3456.73130	T(15): 81.8; S(18): 14.6; T(21): 4	0.035	0.7074					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G21640.1	Subtilase family protein	1	2									1	2										
YLGSSKTKTHLHIILEYVENGSLANIIKPNK	1	AT3G13530.1	S5(Phospho); T7(Phospho); Y17(	3720.80337	Y(1): 72.3; S(4): 26.6; S(5): 26.6	0.035	0.7186					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13530.1	mitogen-activated protein kin	1	1									1	1										
EVPLYGNRYIEAYRK	1	AT3G19960.1	Y13(Phospho)	1950.94365	Y(5): 17.4; Y(9): 17.4; Y(13): 65.	0.035	0.7166					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G19960.1	myosin 1	1	1									1	1										
NLDDYIYPESSSNPGYGVSLPPGRDYGTGK	1	AT2G03150.1	Y7(Phospho)	3298.45937	Y(5): 22.5; Y(7): 67.6; S(10): 8.0	0.035	0.7263							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G03150.1	ATP/GTP-binding protein fam	1	1											1	1								
VFSFKELQSATNGFSDKVGHGGFGAVFK	1	AT4G00340.1	S9(Phospho)	3041.46523	S(3): 6.6; S(9): 91.4; T(11): 1.9;	0.035	0.7228							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00340.1	receptor-like protein kinase 4	2	2											1	1					1	1		
SMVFFRGQPVGTLAAVDNTTDEVLNYDQVFVR	1	AT1G35580.3	T12(Phospho)	3668.74599	S(1): 37.3; T(12): 37.3; T(19): 16	0.035	0.7172							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G35580.3	cytosolic invertase 1	1	1											1	1								
YNPDSSGSNKVLLDQNLIEAMPTSPIFVGNK	1	AT3G14270.1	T23(Phospho)	3428.63540	Y(1): 0.0; S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(	0.035	0.7272							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14270.1	phosphatidylinositol-4-phosph	2	3											2	3								
KTAELATQYYINPATSQPNVSGLILAGSADFK	1	AT5G47880.1	Y9(Phospho); Y10(Phospho); S16	3608.63449	T(2): 69.9; T(7): 30.0; Y(9): 30.0	0.035	0.7254							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G47880.1	eukaryotic release factor 1-1	1	29	1	10	1	12							1	1					1	4	1	2
AVSLLAPVMGSEITCSKLLPAVITASK	3	AT1G13320.1	S3(Phospho); S11(Phospho); C1	2916.44931	S(3): 42.5; S(11): 42.5; T(14): 4	0.035	0.6577							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13320.1	protein phosphatase 2A subu	10	400	4	11	1	5	4	41	4	38	9	67	10	73	8	48	4	22	10	56	7	39
GCERLGLQVESVPR	1	AT4G28570.1	C2(Carbamidomethyl); S11(Phosp	1679.79380	S(11): 100.0	0.035	0.6605							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28570.1	Long-chain fatty alcohol dehy	1	1													1	1						
STKRPNGQIINVIDTPGLFSLFPSNESTIR	1	AT4G09930.1	S1(Phospho); S27(Phospho); T28	3541.67617	S(1): 50.0; T(2): 50.0; T(15): 0.0	0.035	0.6632							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G09930.1	Avirulence induced gene (AIG	1	1			1	1									1	1						
LHQGTVKSSNWVTNWVGTSWLTPILGAYVADAHFGR	1	AT5G46040.1	T5(Phospho); S19(Phospho); T22	4136.86994	T(5): 33.8; S(8): 33.8; S(9): 33.8	0.035	0.6609							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G46040.1	Major facilitator superfamily p	1	1													1	1						
LQLVSVSEKSEPSKGSLVSR	1	AT4G11270.1	S16(Phospho)	2210.15005	S(5): 0.0; S(7): 0.0; S(10): 0.0; S	0.035	0.6629							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11270.1	Transducin/WD40 repeat-like	1	1													1	1						
MNCKIEFMSFLVMTSIVILFLFVSGK	1	AT3G06985.1	C3(Carbamidomethyl); T14(Phosp	3134.55613	S(9): 7.5; T(14): 38.2; S(15): 38.	0.035	0.6565							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06985.1	low-molecular-weight cysteine	1	1													1	1						
VAVIGGGLMGSGIATALLLSNIR	1	AT4G29010.1	S20(Phospho)	2263.21653	S(11): 1.1; T(15): 49.5; S(20): 49	0.035	0.6565							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G29010.1	Enoyl-CoA hydratase/isomera	1	1													1	1						
TNDSAGDGTTTASILAREIIKHGLLSVTSGANPVSLK	1	AT2G28000.1	S13(Phospho); S26(Phospho)	3854.88352	T(1): 4.4; S(4): 4.4; T(9): 9.2; T(	0.035	0.6525							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28000.1	chaperonin-60alpha	4	289	3	41	3	46	2	6	3	10	3	41	3	32	3	50	4	24	2	13	2	26
CHWTAPVSTVAPTTVPTAAPTVPATASSSQVTETVQEVK	1	AT5G56200.1	C1(Carbamidomethyl); S8(Phospl	4086.96201	T(4): 72.4; S(8): 24.4; T(9): 3.2;	0.035	0.6516									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

	AT5G56200.1	C2H2 type zinc finger transcr		1	1													1	1				
QKIMFALTSIKGIGR	1	AT1G22780.1	T8(Phospho)		1742.94594	T(8): 50.0; S(9): 50.0	0.035	0.6538									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G22780.1	Ribosomal protein S13/S18 fa	1	1																	1	1		
FVAPPTPLILQLR	1	AT5G48010.1	T6(Phospho)		1544.85184	T(6): 100.0	0.035	0.655									Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G48010.1	thallanol synthase 1	1	1																	1	1		
SLSTEEENWKSINSGVAGTVDSLISDPADSEK	1	AT4G31570.1	S11(Phospho)		3358.54355	S(1): 0.2; S(3): 0.2; T(4): 0.3; S(	0.035	0.6603									Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G31570.1	CONTAINS InterPro DOMAIN	1	1																	1	1		
SNDQPKGEKSCIDIEK	2	AT1G33410.1	S1(Phospho); C11(Carbamidomet		1927.85300	S(1): 100.0; S(10): 0.0	0.035	0.7042									Medium	Medium	2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G33410.1	SUPPRESSOR OF AUXIN RESI	1	1																	1	1		
LHLICCSSLKELPSSIGNCTNLK	2	AT2G14080.1	C5(Carbamidomethyl); C6(Carbar		2724.28052	S(7): 0.0; S(8): 0.0; S(14): 4.7; S	0.035	0.7054										Medium	1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G14080.1	Disease resistance protein (T	2	3													1	1					1	2
QDQPNSQFSRANISSNQGGGPAPVLVK	1	AT5G57870.2	S6(Phospho)		2876.36945	S(6): 98.1; S(9): 1.6; S(14): 0.2;	0.035	0.7071									Medium		1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57870.2	MIF4G domain-containing pro	10	131	2	20	2	7	2	15	2	11	4	26	3	12	4	18	3	12			5	10
VTLSRESIEFGIGLLQNDLKGSTSSK	1	AT4G24860.1	S25(Phospho)		2859.44985	T(2): 0.0; S(4): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.035	0.6997									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24860.1	P-loop containing nucleoside	1	1																			1	1
ASSVVKESFSKLDTSEDSAGAAPLLK	1	AT4G26780.1	S8(Phospho); S10(Phospho)		2797.29751	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(8): 100.0;	0.035	0.7059									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family pro	2	2					1	1													1	1
RCLRGLLAESSESEPDNPLKPR	1	AT1G75260.1	C2(Carbamidomethyl); S13(Phosp		2604.26797	S(10): 0.2; S(11): 3.8; S(13): 96.	0.035	0.7051									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G75260.1	oxidoreductases, acting on N	1	1																			1	1
SLLSIDLSSNRLNESLPVGFGSAFPLKSLNLSR	1	AT5G58150.1	S29(Phospho); S33(Phospho)		3804.91225	S(1): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.0; S(	0.035	0.7071									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G58150.1	Leucine-rich repeat protein ki	2	2	1	1																	1	1
EDYSDDGRDIVDLSNK	1	AT1G63210.1	S14(Phospho)		1920.78017	Y(3): 0.1; S(4): 0.1; S(14): 99.8	0.036	0.7035	Medium										1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G63210.1	Transcription elongation facto	1	1	1	1																		
NKESIISMLHMR	1	AT5G38280.1	S7(Phospho)		1538.72539	S(4): 0.4; S(7): 99.6	0.036	0.7051	Medium										1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G38280.1	PRS-like receptor kinase	1	1	1	1																		
MVYLPMSYLYGR	1	AT3G45130.1	Y8(Phospho)		1572.70964	Y(3): 0.0; S(7): 0.1; Y(8): 99.8; Y	0.036	0.7127	Medium										0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G45130.1	lanosterol synthase 1	1	1	1	1																		
SELSQIYSNITDLEMQVSEHSLVINAIQPLDQSRK	1	AT3G22480.2	S18(Phospho)		4065.99306	S(1): 0.0; S(4): 0.0; Y(7): 0.0; S(	0.036	0.7135	Medium										1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G22480.2	prefoldin 2	2	2	2	2																		
IDPLVGDLMTSFQAADSGVR	1	AT1G64790.1	S17(Phospho)		2172.00821	T(10): 20.5; S(11): 59.1; S(17): 2	0.036	0.7081	Medium										0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64790.1	ILITYHIA	10	183	5	24	2	21	1	1			7	24	4	30	2	23	2	10	4	20	3	30
APKVTFNKPIGSVSVSGHK	1	AT1G43710.1	S12(Phospho)		2033.05276	T(5): 0.0; S(12): 95.7; S(14): 0.8	0.036	0.7103	Medium										1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43710.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-de	2	3	1	1															1	2		
CLLLFVLLGTCMAIGDSVLTPTISVLSAVSGVK	4	AT2G30070.1	C11(Carbamidomethyl); C11(Carbi		3514.83469	T(10): 12.0; S(17): 68.1; T(20): 1	0.036	0.71	Medium	Medium				Medium					0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G30070.1	potassium transporter 1	1	2	1	2																		
FSVSGKVEASSNVSADLLDTIRHSR	1	AT3G04110.1	S11(Phospho)		2755.34067	S(2): 48.6; S(4): 48.6; S(10): 1.3	0.036	0.7138	Medium										2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04110.1	glutamate receptor 1.1	1	1	1	1																		
SPGGDYLLSLIAVDWLK	1	AT5G25010.1	S1(Phospho); S9(Phospho)		2006.92582	S(1): 50.0; Y(6): 50.0; S(9): 100.	0.036	0.7314		Medium									0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G25010.1	Protein of unknown function (	1	1			1	1																
NNNNDTAAVATGGGARQLVDASLSTVPR	1	AT1G58100.2	S22(Phospho)		2861.40028	T(6): 17.5; T(11): 17.5; S(22): 5	0.036	0.723		Medium									1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G58100.2	TCP family transcription facto	1	1			1	1																
QIASAAVKEIDIAGER	1	AT3G14190.1	S4(Phospho)		1750.86618	S(4): 100.0	0.036	0.7288	Medium										1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14190.1	unknown protein; BEST Arabi	1	1			1	1																
FSVDASLAGAIIGKGGVSSK	3	AT3G12130.1	S6(Phospho); S18(Phospho)		2023.94162	S(2): 50.0; S(6): 50.0; S(18): 50.	0.036	0.726		Medium								Medium	1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12130.1	KH domain-containing protein	2	4	1	1	1	2															1	1
EDQRVTFRTIAAK	1	AT2G26460.1	T9(Phospho)		1614.79860	T(6): 1.7; T(9): 98.3	0.036	0.7309								Medium			2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G26460.1	RED family protein	2	2									1	1	1	1								
RWSLQGMTALVTGGASGIGHAIVEELAGLGAR	1	AT2G30670.1	S16(Phospho)		3258.62326	S(3): 0.3; T(8): 7.6; T(12): 84.5;	0.036	0.731								Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G30670.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	1									1	1										
APPISPPRTPPSSPPR	1	AT4G22505.1	S5(Phospho); S13(Phospho)		1813.84487	S(5): 93.6; T(9): 6.3; S(12): 2.1;	0.036	0.7295								Medium			1					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G22505.1	Bifunctional inhibitor/lipid-tra	2	11	1	1			1	4	1	5	1	1										
VPPASTSNSTGKATEAVPTRTLSFSSSVTSSDDK	1	AT5G48300.1	S9(Phospho)		3492.63735	S(5): 7.0; T(6): 17.9; S(7): 7.0; S	0.036	0.7313								Medium			2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G48300.1	ADP glucose pyrophosphoryla	5	258	3	36	3	38	2	7	2	9	4	29	3	25	3	38	3	25	3	19	3	32
LSYIALDYEQELETSK	1	AT3G46520.1	Y3(Phospho); Y8(Phospho)		2061.86972	S(2): 16.8; Y(3): 83.3; Y(8): 99.8	0.036	0.7308									Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G46520.1	actin-12	1	53	1	8	1	11					1	7	2	7	1	5	1	6	1	5	1	4
DIGQPTPASHPHLMAEGEVTPGIR	1	AT1G09300.1	T20(Phospho)		2590.22255	T(6): 4.7; S(9): 8.6; T(20): 86.7	0.036	0.7282									Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09300.1	Metallopeptidase M24 family	1	1											1	1								
DFTGKCSDAVKIAGFALATSALVVSGASAEGAPK	1	AT5G66570.1	C6(Carbamidomethyl); S7(Phospl		3456.62070	T(3): 27.2; S(7): 72.4; T(19): 47.	0.036	0.7316									Medium		2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G66570.1	PS II oxygen-evolving comple	3	172	3	30	3	32	1	2	2	5	3	20	3	18	4	23	3	15	2	11	2	16
LVSSNLEEMNSTTLDGVTIFASMYSSETR	1	AT4G10700.1	S3(Phospho); S4(Phospho); Y24(		3662.27890	Too many isoforms	0.036	0.7292									Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10700.1	BEST Arabidopsis thaliana pr	1	1											1	1								
MASSIVTSSLKPLAMADSSSSTIFSHPSISSTSISSSR	1	AT4G24770.1	S3(Phospho); S35(Phospho); S36		3997.76040	Too many isoforms	0.036	0.7334									Medium		0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G24770.1	31-kDa RNA binding protein	1	1											1	1								
LKPSTFLGTQSGKLHRSK	1	AT3G47080.1	S17(Phospho)		2065.08989	S(4): 0.0; T(5): 0.0; T(9): 0.0; S(	0.036	0.6701						Medium					2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G47080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1													1	1						
LREALGNESTLEVSVELNGNGKK	1	AT4G36520.1	S9(Phospho); T10(Phospho)		2617.21938	S(9): 98.6; T(10): 94.8; S(14): 6.	0.036	0.6715						Medium					2					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36520.1	Chaperone DnaJ-domain supe	1	1													1	1						
ASDSHTPTVTTPEKPLEINK	1	AT3G05900.1	T6(Phospho)		2131.99106	S(2): 0.1; S(4): 2.8; T(6): 96.8; T	0.036	0.6738						Medium					0					
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05900.1	neurofilament protein-related	2	3	1	1	1	1									1	1						
SLKLVEFLPESK	1	AT5G55540.1	S11(Phospho)		1469.76130	S(1): 0.0; S(11): 100.0	0.036	0.6697						Medium					1					

	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55540.1	tornado 1	1	1													1	1						
TFTKIATQGSVVAVMK	1	AT5G18340.1	T3(Phospho)	1760.89297	T(1): 50.0; T(3): 50.0; T(7): 0.0;	0.036	0.6595								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18340.1	ARM repeat superfamily prote	1	1															1	1				
MDSGSAVDIISTLSDFLLVLIISNLSFK	2	AT3G62230.1	S3(Phospho)	3078.59292	S(3): 30.9; S(5): 30.9; S(11): 12.	0.036	0.6588								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62230.1	F-box family protein	1	2															1	2				
LVDQMVASGLKFDAAAVISLAACTESGLLSLGMR	1	AT3G29230.1	S8(Phospho); S19(Phospho); C2/	3847.78213	S(8): 99.9; S(19): 0.2; T(25): 81.	0.036	0.6732									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G29230.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1																	1	1		
MKVAVIGSGISGLGSAYVLANQGVK	1	AT3G23510.1	S11(Phospho); S15(Phospho); Y1	2659.23452	S(8): 22.1; S(11): 78.3; S(15): 9	0.036	0.7142									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G23510.1	Cyclopropane-fatty-acyl-phosp	1	1																			1	1
AMTSAATGFILTANVPAAIGGGSSKSTTIVSFLPMRSFGSR	1	AT2G20260.1	T3(Phospho); S4(Phospho); T7(P	4459.92258	Too many isoforms	0.036	0.72									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20260.1	photosystem I subunit E-2	2	2													1	1					1	1
GLIPMLAEGSAKATDSEATEVIIEAALKSATQR	1	AT5G08570.1	S29(Phospho)	3451.71823	S(10): 0.0; T(14): 0.0; S(16): 0.0	0.036	0.7115									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G08570.1	Pyruvate kinase family protein	2	2													1	1					1	1
FCASSSSPEASSSQRPNKR	1	AT4G02480.1	C2(Carbamidomethyl); S7(Phospl	2162.92252	S(4): 0.0; S(5): 0.2; S(6): 0.7; S(	0.036	0.7113									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G02480.1	AAA-type ATPase family prote	5	138	1	10	2	12					2	11	2	17	4	30	3	13	1	15	3	30
YFSQVASTEIK	1	AT4G31210.1	S7(Phospho)	1352.61509	Y(1): 7.9; S(3): 1.6; S(7): 45.3; T	0.036	0.7196									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G31210.1	DNA topoisomerase, type IA,	3	3															2	2			1	1
TVMVGNVALGSEHPIRIQTMTTSDTK	1	AT5G60600.3	T1(Phospho); S23(Phospho); T2!	3026.30898	T(1): 99.8; S(11): 0.2; T(19): 0.2	0.037	0.7177	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G60600.3	4-hydroxy-3-methylbut-2-eny	2	4	2	2	1	2																
RVVAAARTDEEALQSTITIGEALEATVK	1	AT3G22500.1	T18(Phospho)	3022.53217	T(8): 0.9; S(15): 5.5; T(16): 45.8	0.037	0.7189	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G22500.1	Seed maturation protein	1	1	1	1																		
ISSLRPR	1	AT5G19370.1	S3(Phospho)	908.47283	S(2): 1.0; S(3): 99.0	0.037	0.7266	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G19370.1	rhodanese-like domain-contai	4	27	2	2					1	1	1	5	1	6	1	1			2	7	1	5
VAVSTSILSK	1	AT5G60610.1	S6(Phospho)	1084.56169	S(4): 1.3; T(5): 1.3; S(6): 9.9; S(	0.037	0.7376		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G60610.1	F-box/RNI-like superfamily pr	2	3			1	1													1	2		
LLEASVNNEKDEESVR	1	AT3G14840.2	S5(Phospho)	1911.86350	S(5): 100.0; S(14): 0.0	0.037	0.7434	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14840.2	Leucine-rich repeat transmem	1	1			1	1																
WPFPPPSPAKPIMAALRRR	2	AT5G24430.1	S7(Phospho)	2268.19277	S(7): 100.0	0.037	0.7376	Medium						Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24430.1	Calcium-dependent protein ki	1	1			1	1									1							
LFMIMIRTSYK	2	AT5G17910.1	T8(Phospho); S9(Phospho)	1562.78852	T(8): 12.0; S(9): 89.5; Y(10): 98.	0.037	0.7447	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17910.1	unknown protein; FUNCTION:	3	13	1	3	2	7							2	3								
IDNSKLIDSIISHGSFLTNCLIEHSIVGIRSR	3	AT5G19220.1	S12(Phospho); S15(Phospho); C/	3754.82187	S(4): 6.1; S(9): 14.1; S(12): 41.5	0.037	0.7418	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G19220.1	ADP glucose pyrophosphoryla	7	156	2	6	3	16	1	2	1	3	4	44	3	21	3	22	4	30	3	3	4	9
IFLEISNSIEQGSLAITLNLKK	1	AT2G36850.1	S6(Phospho); S13(Phospho)	2591.31386	S(6): 51.2; S(8): 51.2; S(13): 77.	0.037	0.7427	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36850.1	glucan synthase-like 8	3	7	1	3	3	4			1	3												
VSAWLDSCPEDNSVVYVGFGSQIRLTAEQTAALAAALEK	1	AT1G06000.1	C8(Carbamidomethyl); S13(Phosp	4327.02358	S(2): 33.2; S(7): 33.2; S(13): 56.	0.037	0.7438	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G06000.1	UDP-Glycosyltransferase supe	1	1			1	1																
SAIKGLPNEVFGEEGPTGPKLK	1	AT2G44230.1	S1(Phospho)	2348.20273	S(1): 100.0; T(17): 0.0	0.037	0.6028			Medium								2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44230.1	Plant protein of unknown fun	1	1					1	1														
QRIATHTHIK	1	AT5G22330.1	T5(Phospho)	1284.65833	T(5): 90.0; T(7): 10.0	0.037	0.7379					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G22330.1	P-loop containing nucleoside	1	1									1	1										
RVLTVGANGELHPSR	1	AT3G10340.1	T4(Phospho); S14(Phospho)	1765.81308	T(4): 100.0; S(14): 100.0	0.037	0.7397					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G10340.1	phenylalanine ammonia-lyase	2	5	1	2	1	1					1	1							1	1		
MAAAVSTVGAINRAPLSLNGSGSGAVSAPASTFLGKK	1	AT2G39730.1	S6(Phospho); T7(Phospho); T32(	3698.74472	S(6): 98.3; T(7): 98.3; S(17): 2.0	0.037	0.7344					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39730.1	rubisco activase	22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357
RPNPINSSRRPEIFSSGGSSTQLPESPRGPMEFLSR	1	AT3G63300.1	S7(Phospho); S8(Phospho); S26(	4290.84130	S(7): 99.6; S(8): 99.6; S(15): 0.3	0.037	0.7333					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G63300.1	FORKED 1	4	27									1	1	1	1	2	8	1	13			1	4
ELTTVILLASSVLAIGEAVAPESISK	2	AT4G28210.1	S10(Phospho); S23(Phospho)	2771.40580	T(3): 9.5; T(4): 30.2; S(10): 30.2	0.037	0.7379					Medium			Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28210.1	embryo defective 1923	1	1									1	1										
NFPQNKSASVSPTIVAAVAMSSGQTK	1	AT5G30510.1	S22(Phospho); T25(Phospho)	2780.25510	S(7): 0.0; S(9): 0.0; S(11): 0.0; T	0.037	0.7316					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G30510.1	ribosomal protein S1	3	189	1	22	1	28	1	5	1	8	3	24	2	18	2	24	2	20	2	16	2	24
VSPGVGVGGTDQEGVVK	1	AT3G23900.2	T10(Phospho)	1664.78093	S(2): 50.0; T(10): 50.0	0.037	0.7324					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G23900.2	RNA recognition motif (RRM)-	2	86	1	15	1	14	1	1	1	4	2	12	1	14	1	21	1	5				
SASTPSAFQSLGEAVAAAAKASQASSVAVVLASSESVSNESK	2	AT4G30920.1	S34(Phospho); S36(Phospho)	4141.91518	S(1): 3.4; S(3): 3.1; T(4): 3.1; S(	0.037	0.7435					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G30920.1	Cytosol aminopeptidase famil	1	2									1	2										
LPTANDTIPGGPTHSNPTPTSLLHAEVWTLCRIFK	2	AT3G12910.1	T20(Phospho); C31(Carbamidom	3921.93821	T(3): 33.8; T(7): 13.4; T(13): 13.	0.037	0.7397							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G12910.1	NAC (No Apical Meristem) dor	1	2											1	2								
SITRKPAGITTLQR	1	AT1G72140.1	T10(Phospho)	1621.87856	S(1): 0.0; T(3): 0.0; T(10): 86.8;	0.037	0.743							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72140.1	Major facilitator superfamily p	2	2											2	2								
SSLQAFSQIVKNEGAKSLFK	1	AT4G28390.1	S7(Phospho)	2262.14414	S(1): 2.2; S(2): 2.2; S(7): 95.3; S	0.037	0.7415								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28390.1	ADP/ATP carrier 3	1	1											1	1								
FLADIQSLLVINLSGNNLTGSVPLSLLQK	1	AT1G51830.1	T19(Phospho); S21(Phospho); S2	3307.63735	S(7): 1.3; S(14): 30.9; T(19): 76.	0.037	0.6769							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51830.1	Leucine-rich repeat protein k	2	2	1	1											1	1						
NESSAETNTLEMDRLQTIHLSGSISSSSTKGK	1	AT2G16365.4	T17(Phospho)	3488.38808	S(3): 0.0; S(4): 0.0; T(7): 0.0; T(	0.037	0.6769							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16365.4	F-box family protein	2	3													2	3						
ISSDSRSLGCSSSRVFAFSSVHR	1	AT2G17240.1	S7(Phospho); C10(Carbamidomet	2609.19614	S(2): 0.1; S(3): 0.2; S(5): 4.0; S(	0.037	0.6765							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17240.1	unknown protein; FUNCTION:	1	1													1	1						
QLSIPEDKILDLAR	1	AT2G02955.1	S3(Phospho)	1690.88735	S(3): 100.0	0.037	0.6777							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G02955.1	maternal effect embryo arrest	1	1													1	1						

GILTVNAAGNTGPDTASITSLAPWLLTVAASTANR	1	AT5G59130.2	T15(Phospho); S17(Phospho); T1	3664.70278	T(4): 7.9; T(11): 81.7; T(15): 64.	0.037	0.6763							Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G59130.2	Subtilase family protein	2	2													2	2						
SLSIRLSPNVSR	1	AT1G29700.1	S11(Phospho)	1408.73398	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.037	0.6767							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29700.1	Metallo-hydrolase/oxidoreduc	2	3											1	2	1	1						
TVGSAVAAGSLVNLATILYLNSIK	1	AT5G64940.1	S4(Phospho); S10(Phospho)	2535.27115	T(1): 53.1; S(4): 53.1; S(10): 86.	0.037	0.6851									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G64940.1	ABC2 homolog 13	1	1																	1	1		
GIMTRLNTIVAIGLIVLMIVGSLTGVIFFSYK	1	AT5G55960.1	T4(Phospho); S22(Phospho); T2	3679.87475	T(4): 94.8; T(8): 5.2; S(22): 99.8	0.037	0.6818									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G55960.1	unknown protein; CONTAINS	1	1																	1	1		
AKTALTPPASGSEVPRSGTPGDASGNIKPQTDATGVSATDTASQK	1	AT1G48610.2	S24(Phospho); T30(Phospho)	4372.02065	T(3): 0.4; T(6): 0.6; S(10): 1.4; S	0.037	0.6811									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G48610.2	AT hook motif-containing prot	1	1																	1	1		
ATGGFSEENLLGEGGFGYVHKGVLKNGTEVAVK	1	AT4G32710.1	S6(Phospho); T28(Phospho)	3524.64077	T(2): 48.3; S(6): 48.3; Y(18): 5.1	0.037	0.7262									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G32710.1	Protein kinase superfamily pr	1	1																			1	1
ENKDLDLPAHKVMVATVR	2	AT1G72960.1	T16(Phospho)	2116.05312	T(16): 100.0	0.037	0.7315									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72960.1	Root hair defective 3 GTP-bin	1	2																			1	2
RSIKKPSGTTSGTGPSR	1	AT1G14380.2	T13(Phospho)	1796.89524	S(2): 0.0; S(7): 0.1; T(9): 2.3; T(	0.037	0.7257									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G14380.2	IQ-domain 28	2	2																			2	2
DFPSSYSSSVLSSIVGSKVVEISALRK	1	AT3G04160.1	S17(Phospho); S23(Phospho)	3002.44974	S(4): 20.6; S(5): 20.6; Y(6): 20.6	0.037	0.7322									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04160.1	unknown protein; Has 1711 E	2	2																			2	2
AFLCSSLPSSSSIAIFGDPNTDGSSRSYLSIPSLK	1	AT4G28030.2	C4(Carbamidomethyl); S27(Phos	3901.69350	Too many isoforms	0.037	0.7339									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28030.2	Acyl-CoA N-acyltransferases (	3	10	1	1	1	3					1	1	1	3					1	1	1	1
MSFSPAITADTPAR	1	AT2G48160.1	S2(Phospho)	1544.68650	S(2): 3.0; S(4): 96.9; T(8): 0.0; T	0.037	0.7259									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G48160.1	Tudor/PWWP/MBT domain-co	1	1																			1	1
VSEWMQLLLPLAVERGTCIITNMGAIDPSGAQK	1	AT1G01770.1	C18(Carbamidomethyl); S29(Pho	3678.82263	S(2): 0.2; T(17): 0.3; T(21): 0.6;	0.037	0.7222									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01770.1	unknown protein; CONTAINS	2	2	1	1																	1	1
EEEKVDSTTELEIETMRLEVHDVATEMSDK	2	AT2G16485.1	T9(Phospho); T25(Phospho)	3653.54702	S(7): 10.7; T(8): 39.3; T(9): 39.3	0.037	0.7223									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16485.1	nucleic acid binding;zinc ion l	2	3	1	1																	1	2
NEQFWVIGGISAHLFAVVQGLLKILAGIDTNFTVTSK	1	AT5G17420.1	S11(Phospho); T30(Phospho)	4147.12141	S(11): 99.8; T(30): 51.4; T(33):	0.037	0.7248									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G17420.1	Cellulose synthase family prot	1	1																			1	1
TLSQDVEEGICQVMAHKWLDAELAAGSTNSNAASSSSSQGLK	2	AT1G19270.1	T1(Phospho); C11(Carbamidome	4545.07436	T(1): 49.8; S(3): 49.8; S(27): 0.1	0.037	0.7306									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G19270.1	DA1	1	2																			1	2
MRKTSVSSNSFGGFLSPGAPSYADNK	1	AT4G36970.1	S5(Phospho)	2785.25258	T(4): 10.1; S(5): 29.3; S(7): 29.3	0.038	0.7303	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36970.1	Remorin family protein	2	2	2	2																		
SSHNAIPKYKTLISSSSYSYLESLK	1	AT1G01080.1	S2(Phospho)	2883.41054	S(1): 32.4; S(2): 32.4; Y(9): 32.4	0.038	0.728	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01080.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	1	1	1	1																		
FNRAIKASR	1	AT5G36140.1	S8(Phospho)	1142.57939	S(8): 100.0	0.038	0.7304	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G36140.1	cytochrome P450, family 716	1	1	1	1																		
ATLMQIQNDTISVAKAALNPVKANIMPQR	1	AT2G07360.1	T10(Phospho); S12(Phospho)	3296.62864	T(2): 28.7; T(10): 93.0; S(12): 7	0.038	0.735	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing prote	5	194	3	18	1	15	1	10	1	7	1	7	3	25	1	19	1	17	4	37	3	39
IGSQMKENDLVIESFVPLVK	1	AT1G25490.1	S3(Phospho)	2213.08023	S(3): 100.0; S(13): 0.0	0.038	0.7374	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G25490.1	ARM repeat superfamily prote	7	184	5	8	1	1	2	17	2	16	6	32	4	24	4	19	3	12	5	34	4	21
VDAVLLTDSSALLSGIVTDK	1	AT2G36500.1	T7(Phospho)	2097.06157	T(7): 33.3; S(9): 33.3; S(10): 33.	0.038	0.7572	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36500.1	CBS / octicosapeptide/Phox/B	1	1			1	1																
AHLLDGRASSGPSVDSAR	1	AT4G28470.1	S10(Phospho)	1875.86977	S(9): 81.9; S(10): 14.6; S(13): 2.	0.038	0.7546	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G28470.1	26S proteasome regulatory s	3	56	3	5	1	1	1	6	1	4	6	16	5	12	2	3	1	1	2	4	2	4
VVPGFLGGSADLASSNMTLLK	1	AT3G60750.1	S9(Phospho); S15(Phospho)	2237.01908	S(9): 99.8; S(14): 18.8; S(15): 7	0.038	0.7568	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G60750.1	Transketolase	8	537	5	71	6	101	1	3	1	9	6	78	5	60	5	57	5	42	6	51	4	65
GISVICAAGNNGPIESSVANTAPWVSTIGAGTLDRR	1	AT1G04110.1	S3(Phospho); C6(Carbamidometh	3691.78677	S(3): 99.4; S(16): 0.4; S(17): 0.1	0.038	0.7554	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04110.1	Subtilase family protein	2	2			1	1															1	1
RVIVTPDGNITKPLDPESAASNR	1	AT2G31900.1	T5(Phospho); S21(Phospho)	2610.22831	T(5): 32.0; T(11): 61.8; S(18): 5	0.038	0.6099					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G31900.1	myosin-like protein XIF	1	1					1	1														
GSSAKSEAQDKGESIIR	1	AT2G03390.2	S2(Phospho); S3(Phospho)	1906.87516	S(2): 88.8; S(3): 88.8; S(6): 22.3	0.038	0.7636					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G03390.2	uvrB/uvrC motif-containing p	2	35							1	1	1	6	1	2	1	6	1	6	1	4	1	10
FELLAGLCPNSTGADIRSVCIEAGMYAIGARR	1	AT1G53780.1	C8(Carbamidomethyl); T12(Phos	3628.65685	S(11): 47.3; T(12): 47.3; S(18):	0.038	0.7527					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G53780.1	peptidyl-prolyl cis-trans isome	1	1									1	1										
AFLQQISGLGALERSCPSIMIGSSFR	1	AT3G01510.1	C16(Carbamidomethyl); S18(Pho	2905.40151	S(7): 2.0; S(15): 29.0; S(18): 29.	0.038	0.7546					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G01510.1	like SEX4 1	2	2									1	1	1	1								
IDLGNSIKATIYTTK	1	AT5G20710.1	S6(Phospho)	1717.87369	S(6): 98.8; T(10): 0.4; Y(12): 0.2	0.038	0.7456					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20710.1	beta-galactosidase 7	1	1									1	1										
KAYLSVQQSR	1	AT5G49680.2	S5(Phospho)	1259.61444	Y(3): 1.9; S(5): 98.0; S(9): 0.1	0.038	0.7556					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G49680.2	Golgi-body localisation protein	1	1											1	1								
DDIDSSDGAAAARAGEIGSIGVSTPWKPIQLVFKR	1	AT5G35980.2	S6(Phospho)	3707.85017	S(5): 49.4; S(6): 49.4; S(19): 0.4	0.038	0.7583									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G35980.2	yeast YAK1-related gene 1	3	4	1	1									2	2			1	1				
AKPVAAPVASSNPSGAAITGATASDAPKAGSRLLDR	1	AT2G20790.3	S24(Phospho)	3455.76706	S(10): 29.8; S(11): 29.8; S(14):	0.038	0.7575									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G20790.3	clathrin adaptor complexes m	8	264	3	14	4	19	3	30	3	35	3	30	6	41	3	40	3	9	5	21	6	25
LQGKIGYQHAYLDFSNLDVTVPKAGGGSETVK	1	AT2G38010.1	T30(Phospho)	3472.73032	Y(7): 3.3; Y(11): 3.3; S(15): 3.3;	0.038	0.6841							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G38010.1	Neutral/alkaline non-lysosom	1	1													1	1						
NGDDSAMLNIMSNYGEEVVTALGSEVDRLEK	1	AT1G51610.1	S12(Phospho)	3436.52158	S(5): 0.3; S(12): 71.2; Y(14): 27.	0.038	0.6845							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51610.1	Cation efflux family protein	1	1													1	1						
YGKMERAILSSEIAVVDLR	1	AT5G51430.1	Y1(Phospho)	2230.14017	Y(1): 100.0; S(10): 0.0; S(11): 0.	0.038	0.6859							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2



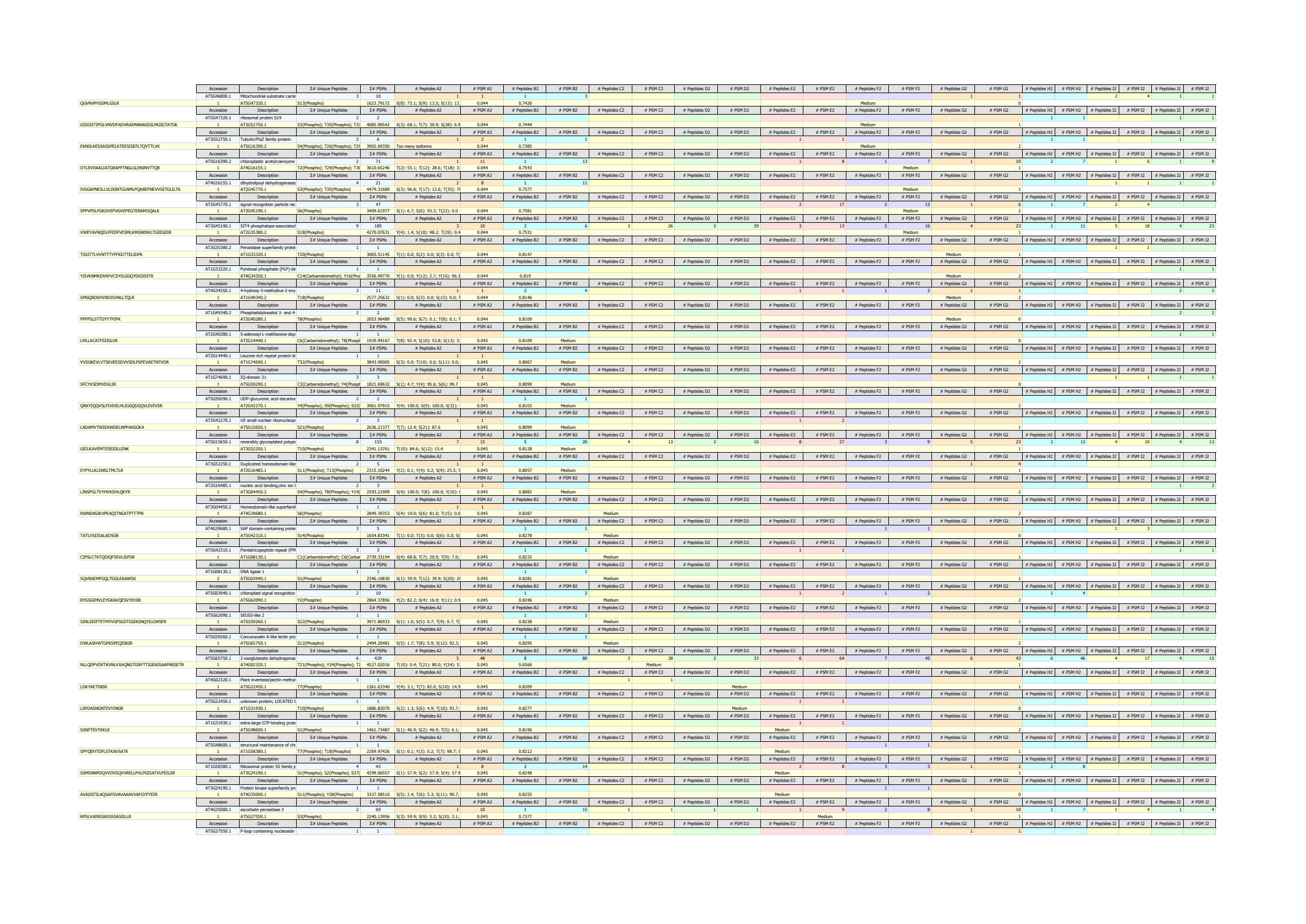
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35020.1	N-acetylglucosamine-1-phosp	2	2									1	1	1	1								
SVLVEPTSGNTGIGLAFIAASR	1	AT3G59760.3	T7(Phospho)	2	2240.14029	S(1): 97.5; T(7): 1.8; S(8): 0.5; T	0.039	0.6896						Medium		0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G59760.3	O-acetylserine (thiol) lyase is	2	2											1	1	1	1						
SAWAAVWLIMLSLGLAAAGAYLVYKYRLR	1	AT2G14740.1;AT2G14720.1	S1(Phospho); S12(Phospho); Y2		3466.67837	S(1): 100.0; S(12): 99.6; Y(21):	0.039	0.6881						Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G14720.1	vacuolar sorting receptor 4	5	345	6	51	9	70	1	7	1	5	5	41	7	40	8	48	3	23	5	25	5	35
	AT2G14740.1	vacuolar sorting receptor 3	3	254	5	55	6	64	1	7	2	6	4	23	5	28	5	31	3	15	2	8	2	17
NLTKLLLISNAISGVIPLEIGNCTSLVRLR	2	AT5G48940.1	S9(Phospho); S13(Phospho); C2		3517.78342	T(3): 60.0; S(9): 60.0; S(13): 60.	0.039	0.692						Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G48940.1	Leucine-rich repeat transmem	2	6	1	2									1	1	2	3						
AATVVAASVTDLAGVDSTTIAVLGGGSVAALAAMVSLTDPERR	1	AT4G25080.3	T3(Phospho); S8(Phospho); T10(		4324.05092	T(3): 83.4; S(8): 79.8; T(10): 78.	0.039	0.6887						Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25080.3	magnesium-protoporphyrin IX	2	2													1	1					1	1
ESDLKITTTTIDLR	1	AT1G26320.1	S2(Phospho)		1685.82822	S(2): 100.0; T(7): 0.0; T(8): 0.0;	0.039	0.6926						Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G26320.1	Zinc-binding dehydrogenase	1	1													1	1						
GSKGVLLSAPVKQASSR	2	AT3G06860.1	S15(Phospho)		1764.94150	S(2): 2.8; S(8): 2.8; S(15): 47.2;	0.039	0.695							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06860.1	multifunctional protein 2	1	2															1	2				
DVGYPVVMGSGVAAASTYLQHHIPLIPSRI	1	AT2G13360.1	S10(Phospho); S16(Phospho)		3308.57680	Y(4): 1.7; S(10): 8.1; S(16): 43.0	0.039	0.6961							Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G13360.1	alanine:glyoxylate aminotrans	8	547	6	54	6	41	4	46	4	56	6	89	6	45	6	73	7	45	6	55	6	43
ALVQSRTFPHLNTPLSPILSSLHAPSSLFIRR	1	AT3G06730.1	S27(Phospho)		3635.95424	S(5): 0.1; T(7): 0.2; T(13): 0.1; S	0.039	0.6977							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G06730.1	Thioredoxin z	2	2									1	1					1	1				
AWPALLPELIANLQNAALAGDYVSVNGILGTASSIFKK	1	AT2G46520.1	S24(Phospho); T31(Phospho)		4086.05207	Y(22): 89.1; S(24): 89.1; T(31):	0.039	0.7101							Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibilit	7	198	2	12	3	11	4	37	3	35	5	26	4	32	3	24	4	10	4	8	2	3
NETFMTRNHPESIKPTKETSPSSSSSTASAAVSMPVSTNR	1	AT1G77580.2	T3(Phospho)		4331.99781	T(3): 41.5; T(6): 41.5; S(12): 7.9	0.039	0.714							Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77580.2	Plant protein of unknown fun	1	1																	1	1		
TTIDAIVNASSYALSIVLVGVGDGPWEDMR	1	AT1G79380.1	T2(Phospho)		3229.54995	T(1): 19.0; T(2): 80.0; S(10): 0.4	0.039	0.7487									Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G79380.1	Ca(2)-dependent phospholipi	1	1																			1	1
YLRSDFIVDLIACLPLPQIVSWFILPSIR	1	AT2G24610.1	Y1(Phospho); S4(Phospho); C13(		3684.78989	Y(1): 100.0; S(4): 100.0; S(21):	0.039	0.7486									Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G24610.1	cyclic nucleotide-gated chann	1	1																			1	1
KCQNLGLELLSTTK	1	AT5G24350.1	C2(Carbamidomethyl); S11(Phosp		1684.82901	S(11): 33.3; T(12): 33.3; T(13):	0.04	0.7588	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24350.1	CONTAINS InterPro DOMAIN	2	3	1	1							1	2										
DGVTAIQLDIKPAGIPLDIVCESLENAREAR	1	AT5G14580.1	T4(Phospho); C21(Carbamidome		3523.68391	T(4): 100.0; S(23): 100.0	0.04	0.7528	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G14580.1	polyribonucleotide nucleotidyl	1	1	1	1																		
ETQLIGSLTVREFLYYSALLQLPGFLFQKR	1	AT2G28070.1	S7(Phospho); Y15(Phospho)		3690.85781	T(2): 1.4; S(7): 93.3; T(9): 5.3;	0.04	0.7563	Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28070.1	ABC-2 type transporter family	2	2	1	1			1	1														
GSFSPQEEDLIFHLHSILGNRWSQIATR	3	AT3G08500.1	S4(Phospho)		3318.59543	S(2): 21.4; S(4): 78.6; S(16): 0.0	0.04	0.7609	Medium				Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G08500.1	myb domain protein 83	1	2	1	2																		
YLDLQGNSFSGEVMSLFSQLISVEYVDISR	1	AT2G27060.1	S15(Phospho)		3476.62937	Y(1): 83.0; S(8): 8.7; S(10): 2.9;	0.04	0.7759	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27060.1	Leucine-rich repeat protein ki	3	3	2	2	1	1																
FVVIVDDSKMVK	1	AT2G01290.1	S8(Phospho)		1459.72075	S(8): 100.0	0.04	0.7783	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G01290.1	ribose-5-phosphate isomerase	2	3			2	3																
FLWWGLGSAFVVYYYVKVLDER	1	AT2G36850.1	S8(Phospho); Y13(Phospho); Y1		2950.31046	S(8): 87.8; Y(13): 87.8; Y(14): 8	0.04	0.7738	Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36850.1	glucan synthase-like 8	3	7			3	4			1	3												
MEGSSIQPPRNFVLAKDSSTGSSSSSSSSQVK	2	AT5G18760.1	S19(Phospho)		3352.32774	S(4): 0.1; S(5): 0.1; S(18): 37.6;	0.04	0.7779	Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18760.1	RING/U-box superfamily prote	2	4			1	2					1	2										
RAASGSLAPPNADRSR	1	AT4G11740.1	S4(Phospho); S15(Phospho)		1785.77458	S(4): 85.4; S(6): 14.6; S(15): 10	0.04	0.776	Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily pro	10	970	9	138	9	175	2	27	2	27	6	81	10	129	10	116	5	44	7	79	8	154
SIMIIKPPGYQGSSAPASPAGSTPPLSPFSPPLSPFSGGK	1	AT1G56220.1	S1(Phospho); S37(Phospho)		4069.94565	S(1): 92.4; Y(10): 4.4; S(13): 1.0	0.04	0.7736	Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G56220.1	Dormancy/auxin associated fa	3	11	1	3	2	2							2	3	1	3						
SKLPVEAGSSEANTVIVEPLTVPPSPETAAVK	1	AT5G65910.1	S10(Phospho); T14(Phospho)		3377.64636	S(1): 7.8; S(9): 15.4; S(10): 78.8	0.04	0.6268					Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65910.1	BSD domain-containing prote	2	6					2	2	1	4												
SSLFQALDLLPDTSILGLITFDSLVR	1	AT2G21630.1	T20(Phospho)		2914.51357	S(1): 0.0; S(2): 0.0; T(13): 0.6; S	0.04	0.783				Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G21630.1	Sec23/Sec24 protein transpo	1	1							1	1												
FVPRAVLMDLEPGTMDSLR	1	AT5G62690.1	T14(Phospho)		2227.07158	T(14): 94.8; S(17): 5.2	0.04	0.7798				Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62690.1	tubulin beta chain 2	5	1614	9	228	9	267	5	29	5	36	12	194	10	150	11	189	12	134	13	147	14	240
KWLMSLGYRVWGVMGDQWSSFAGCPLPR	1	AT1G04040.1	S5(Phospho); S20(Phospho); C2		3444.52109	S(5): 51.2; Y(8): 51.2; S(19): 48.	0.04	0.7761				Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04040.1	HAD superfamily, subfamily I	1	1									1	1										
ISEVIVGMQSLGIQHIADGGGRSLSLQER	1	AT1G53350.1	S25(Phospho)		3130.57233	S(2): 0.0; S(10): 0.0; S(23): 6.9;	0.04	0.773				Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G53350.1	Disease resistance protein (O	1	1									1	1										
FSIAVTLNKMSMGGVTANIVKLVCSELNIPLPK	1	AT5G24810.1	S2(Phospho); C24(Carbamidome		3624.90273	S(2): 89.2; T(6): 9.1; S(11): 0.7;	0.04	0.7684					Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24810.1	ABC1 family protein	1	1									1	1										
GNAVVNSGLLLMAVMGLLFPAVLHYTHSEVHAGSSELALSR	1	AT1G55730.1	S34(Phospho); S40(Phospho)		4421.16811	S(7): 0.0; Y(25): 0.1; T(26): 0.2;	0.04	0.7715					Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G55730.1	cation exchanger 5	1	1									1	1										
FTVLVATDVASRGLDIPNVDLVIHYELPNDPETFVHR	1	AT5G26742.3	T2(Phospho); T7(Phospho); T33(		4402.05922	T(2): 84.8; T(7): 48.9; S(11): 72.	0.04	0.7742					Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G26742.3	DEAD box RNA helicase (RH3	2	3									2	3										
APKILADTLESIAATVFIDVNYDVKR	1	AT5G45150.1	T15(Phospho)		2942.53360	T(8): 95.8; S(11): 2.1; T(15): 2.1	0.04	0.7773					Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45150.1	RNase THREE-like protein 3	1	1											1	1								
KFLVKVNANIGNSAVASSIEEEVYK	1	AT2G29630.2	S13(Phospho); Y24(Phospho)		2869.37971	S(13): 96.5; S(17): 3.5; S(18): 2.	0.04	0.6941						Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29630.2	thiaminC	3	99	2	15	2	30					2	9	2	15	3	5	2	11	2	5	2	9
TITIDVVSSDTINNVK	1	AT5G37640.1	T1(Phospho); T3(Phospho)		1878.84099	T(1): 84.6; T(3): 85.7; S(8): 10.9	0.04	0.6955						Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G37640.1	ubiquitin 9	1	1													1	1						
QPIFAVHTLNDMPMLQANSQDFLSVNEMTESMIQGR	1	AT1G61380.1	S31(Phospho)		4172.89963	T(8): 0.1; S(19): 0.5; S(24): 0.3;	0.04	0.6946						Medium				0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

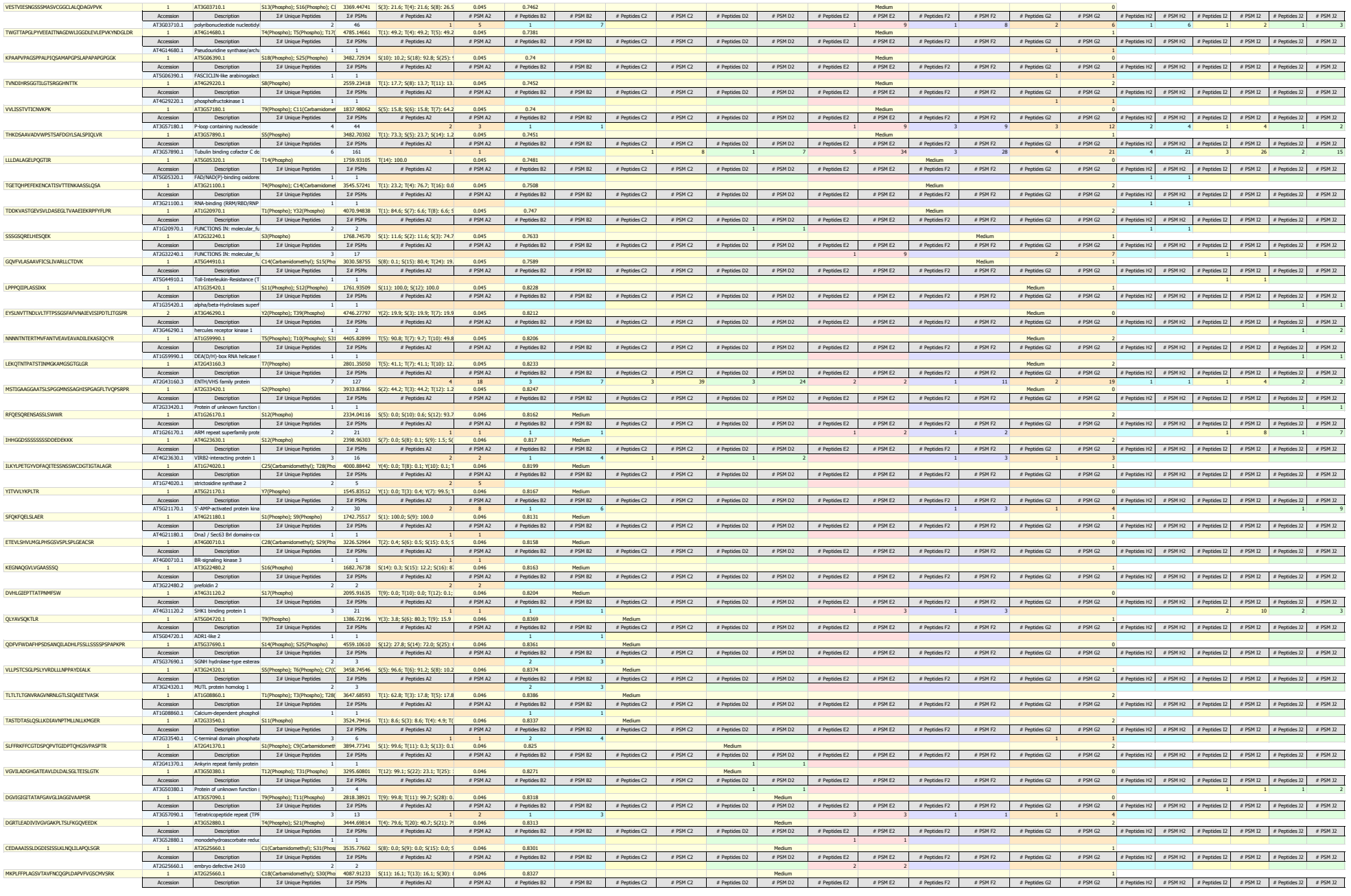
	AT1G61380.1	S-domain-1 29	1	1													1	1						
TSPLSSESKVWEPKK	4	AT5G51530.1	S5(Phospho)	1782.87090	T(1): 20.0; S(2): 20.0; S(5): 20.0	0.04	0.6976							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G51530.1	Ubiquitin carboxyl-terminal hy	1	4													1	4						
ETRSAFIAAAASVPSYLLNRPVKLILDR	4	AT4G34890.1	T2(Phospho); S12(Phospho); Y1	3311.61875	T(2): 60.0; S(4): 60.0; S(12): 60.	0.04	0.6952							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34890.1	xanthine dehydrogenase 1	1	4													1	4						
TDKJKDEDIVTLVDQFPGQSIDFFGALR	1	AT2G39730.1	T11(Phospho)	3247.60415	T(1): 1.0; T(11): 23.5; S(20): 75.	0.04	0.6977							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39730.1	rubisco activase	22	2549	8	207	12	293	5	114	6	89	16	273	15	266	14	431	14	306	15	213	17	357
GKTPLDPDASGFTYSNPIETSFKQR	1	AT3G04260.1	T3(Phospho); S21(Phospho)	2928.33291	T(3): 99.8; S(10): 0.2; Y(14): 0.1	0.04	0.7108								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G04260.1	plastid transcriptionally active	2	116	1	11	1	23			1	1	1	10	1	12	1	20	2	12	1	13	1	14
IITTTGVLRYSGSSTPASGPIPGGPTIQVDWSLNQARAIR	2	AT1G41830.1	T4(Phospho); Y10(Phospho)	4298.14077	T(3): 19.7; T(4): 54.8; T(5): 20.6	0.04	0.7251									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G41830.1	SKU5-similar 6	2	4																	2	4		
DVEASRMSSSALSASAAVQSQSNDDSVQKSNVICLR	1	AT1G58250.1	S26(Phospho); C34(Carbamidom	3877.77920	S(5): 0.2; S(8): 0.1; S(9): 0.1; S(	0.04	0.7189									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G58250.1	Golgi-body localisation protei	3	4													1	2			1	1	1	1
CHLASQKIEAQKTHLDIYNIYAPLCLNSTLSSEPK	3	AT3G52000.1	C1(Carbamidomethyl); Y18(Phosp	4202.97434	S(5): 0.1; T(13): 0.6; Y(18): 95.3	0.04	0.7198									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52000.1	serine carboxypeptidase-like 3	1	3																	1	3		
RSVLVAAAQTTAPAESTASVDADRLEPR	1	AT2G15620.1	T11(Phospho); S19(Phospho)	3042.41865	S(2): 0.1; T(10): 46.9; T(11): 46.	0.04	0.7692										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G15620.1	nitrite reductase 1	2	2											1	1							1	1
LASLSASLSLLLLPSLKEAVGGDDSKGTIGHR	1	AT1G53165.1	S9(Phospho); S15(Phospho)	3365.70131	S(3): 0.2; S(5): 3.4; S(7): 9.6; S(	0.04	0.7639										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G53165.1	Protein kinase superfamily pr	1	1																			1	1
AAAVSSVWAKPGAWALEAEEHEAELKQQPSTNQK	1	AT4G38710.1	S5(Phospho); S6(Phospho)	3918.80537	S(5): 92.3; S(6): 88.2; S(30): 8.9	0.04	0.765										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	4	99	2	8							1	5	1	16	2	25	1	2	1	5	4	38
AATVVAASVTDLAGVDSTTIAVLGGGSVAALAAMVSLTDPER	1	AT4G25080.3	T3(Phospho); S36(Phospho); T3	4167.96303	T(3): 53.1; S(8): 22.3; T(10): 20.	0.04	0.77										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25080.3	magnesium-protoporphyrin D	2	2													1	1					1	1
ITGKNKQISSIPIHLSIFSPNEQQPETIVEDIESMVR	1	AT2G44590.2	S10(Phospho); S16(Phospho)	4267.09047	T(2): 23.7; S(9): 23.7; S(10): 56.	0.04	0.7671										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G44590.2	DYNAMIN-like 1D	2	2																			2	2
EAATYAFGSILEGPSADKLMAIVNAALTFMLNALTNDPSNHVK	1	AT5G53480.1	T4(Phospho); Y5(Phospho)	4666.21813	T(4): 89.2; Y(5): 89.2; S(9): 20.8	0.04	0.7697										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53480.1	ARM repeat superfamily prote	12	337	3	11	3	22	3	23	4	20	8	68	9	58	7	41	5	30	5	28	7	36
LENSVQQGSSPR	1	AT2G15860.1	S10(Phospho)	1381.60637	S(4): 0.0; S(9): 50.0; S(10): 50.0	0.041	0.7653	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G15860.1	unknown protein; FUNCTION	1	1	1	1																		
HPRVSYADLYQLAGVVAVEVTGGPAIPFTPGR	1	AT4G35970.1	T21(Phospho)	3417.73899	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; Y(10): 0.0; T	0.041	0.7752	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35970.1	ascorbate peroxidase 5	1	1	1	1																		
FRVVALAAGSNVTLLADQFSGSIISK	1	AT5G62790.2	S10(Phospho); T13(Phospho)	2824.40366	S(10): 100.0; T(13): 100.0; S(20	0.041	0.7664	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G62790.2	1-deoxy-D-xylulose 5-phosph	1	1	1	1																		
NPLPLLQSFGPSVLAAQSDEYNTTAPINRPRRLNSGFYFAR	1	AT1G70630.1	Y21(Phospho); T23(Phospho); Y2	4818.26333	S(8): 15.7; S(12): 15.7; S(18): 15	0.041	0.7742	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G70630.1	Nucleotide-diphospho-sugar t	1	1	1	1																		
AAFLFVGLYLVSLGIGGIKGSLPSHGAEQFDEGTPK	1	AT1G27040.2	Y9(Phospho); S21(Phospho); T3	3915.84975	Y(9): 30.6; S(12): 71.9; S(21): 9.	0.041	0.7742	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G27040.2	Major facilitator superfamily p	1	1	1	1																		
TDKALTPVSLSAVSR	1	AT2G28290.2	S14(Phospho)	1624.82407	T(1): 0.1; T(6): 0.3; S(9): 0.3; S(	0.041	0.7713	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28290.2	P-loop containing nucleoside	11	166	5	31	4	63	1	1	1	2	1	8	2	31	3	7	2	2	1	1	4	20
RSLQTVTSVVASNSESSSSNTGRPR	1	AT3GS5060.1	S14(Phospho)	2687.27382	S(2): 0.0; T(5): 0.0; T(7): 0.0; S(	0.041	0.7847	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3GS5060.1	unknown protein; BEST Arabi	1	1			1	1																
VQEFSTTFEGVLGKEKTLVDFLFDLSR	2	AT1G19835.1	T6(Phospho); T17(Phospho)	3265.53628	S(5): 36.5; T(6): 61.0; T(7): 61.0	0.041	0.7799	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G19835.1	Plant protein of unknown fun	1	2			1	2																
KISMLPPLLSENVGSLSPGADR	1	AT1G77680.1	S3(Phospho)	2361.20432	S(3): 100.0; S(10): 0.0; S(15): 0.	0.041	0.7824	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77680.1	Ribonuclease II/R family prob	1	1			1	1																
LPPRDTKQLGYDSSEDNLSTLNALVPFGINSITNK	1	AT1G77280.1	T33(Phospho)	3897.92429	T(6): 0.0; Y(11): 0.0; S(13): 0.0;	0.041	0.79	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G77280.1	Protein kinase protein with ac	1	1			1	1																
TLGGILLPSTAQSKPQGGEVVAVGEGRTIGK	1	AT5G20720.1	T1(Phospho); T10(Phospho); T2	3260.58291	T(1): 93.8; S(9): 49.4; T(10): 76.	0.041	0.7875	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20720.1	chaperonin 20	3	4			1	1							1	2	1	1						
KLTGAGDCLVGGTVASLSDGLDLIQSLAVGIASAK	1	AT1G49350.1	C8(Carbamidomethyl); T13(Phosp	3437.75465	T(3): 36.1; T(13): 36.1; S(16): 19	0.041	0.7813	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G49350.1	pfkB-like carbohydrate kinase	1	1			1	1																
GTRITLHLKQEAK	1	AT3G07770.1	T5(Phospho)	1574.83683	T(2): 50.0; T(5): 50.0	0.041	0.79	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G07770.1	HEAT SHOCK PROTEIN 89.1	2	46	2	8	3	8					2	3	1	1	2	4	1	5	2	8	2	9
SSNILLDEGFHPKLSDFGLAKLGPTGDK	2	AT5G13160.1	S1(Phospho); T25(Phospho)	3116.47885	S(1): 50.0; S(2): 50.0; S(15): 0.5	0.041	0.7901	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13160.1	Protein kinase superfamily pr	1	2			1	2																
DVLNILHNLQGDLVGADVVEYNPQR	1	AT4G08870.1	Y21(Phospho)	2871.39365	Y(21): 100.0	0.041	0.789	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G08870.1	Arginase/deacetylase superfa	2	2			1	1											1	1				
FLHELDLHSDAVAGLSNTSIETVLEIGSVGK	1	AT3GS2640.1	S16(Phospho)	3331.64206	S(9): 3.9; S(16): 89.8; T(18): 3.9	0.041	0.7872	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52640.1	Zn-dependent exopeptidases	1	1			1	1																
MASLVVIVSLLLAAFASPLLETAHSYNVTAPR	1	AT1G30350.1	S3(Phospho); S9(Phospho)	3514.78525	S(3): 99.0; S(9): 99.1; S(17): 0.7	0.041	0.7882	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G30350.1	Pectin lyase-like superfamily p	1	1			1	1																
GVKVMSLGLLNQGEELNGYGEMYVRR	1	AT2G37700.2	S6(Phospho)	2992.43569	S(6): 100.0; Y(19): 0.0; Y(23): 0.	0.041	0.7888					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G37700.2	Fatty acid hydroxylase superf	1	1							1	1												
IAQSGSIVIMSIHQPSYR	1	AT2G37360.1	Y17(Phospho)	2067.00884	S(4): 0.0; S(6): 0.0; S(11): 0.5; S	0.041	0.7787						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G37360.1	ABC-2 type transporter family	1	1									1	1										
LESVLYFCRQMTNAALITIARNRPNMTR	1	AT3G62980.1	S3(Phospho); C8(Carbamidometh	3499.65615	S(3): 92.4; Y(6): 6.9; T(12): 0.7;	0.041	0.7901							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G62980.1	F-box/RNI-like superfamily pr	1	1											1	1								
TNLTAPNTHRSDYLASGIAGVSIK	1	AT2G36660.1	T1(Phospho); T8(Phospho)	2646.23600	T(1): 89.6; T(4): 11.9; T(8): 85.8	0.041	0.7916							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36660.1	poly(A) binding protein 7	1	1											1	1								
QSAARATVPGGPSIACSTAKAVEWDATWSK	1	AT5G65010.2	T7(Phospho); S13(Phospho); C1	3263.44423	S(2): 71.9; T(7): 30.3; S(13): 82.	0.041	0.7073							Medium				2						

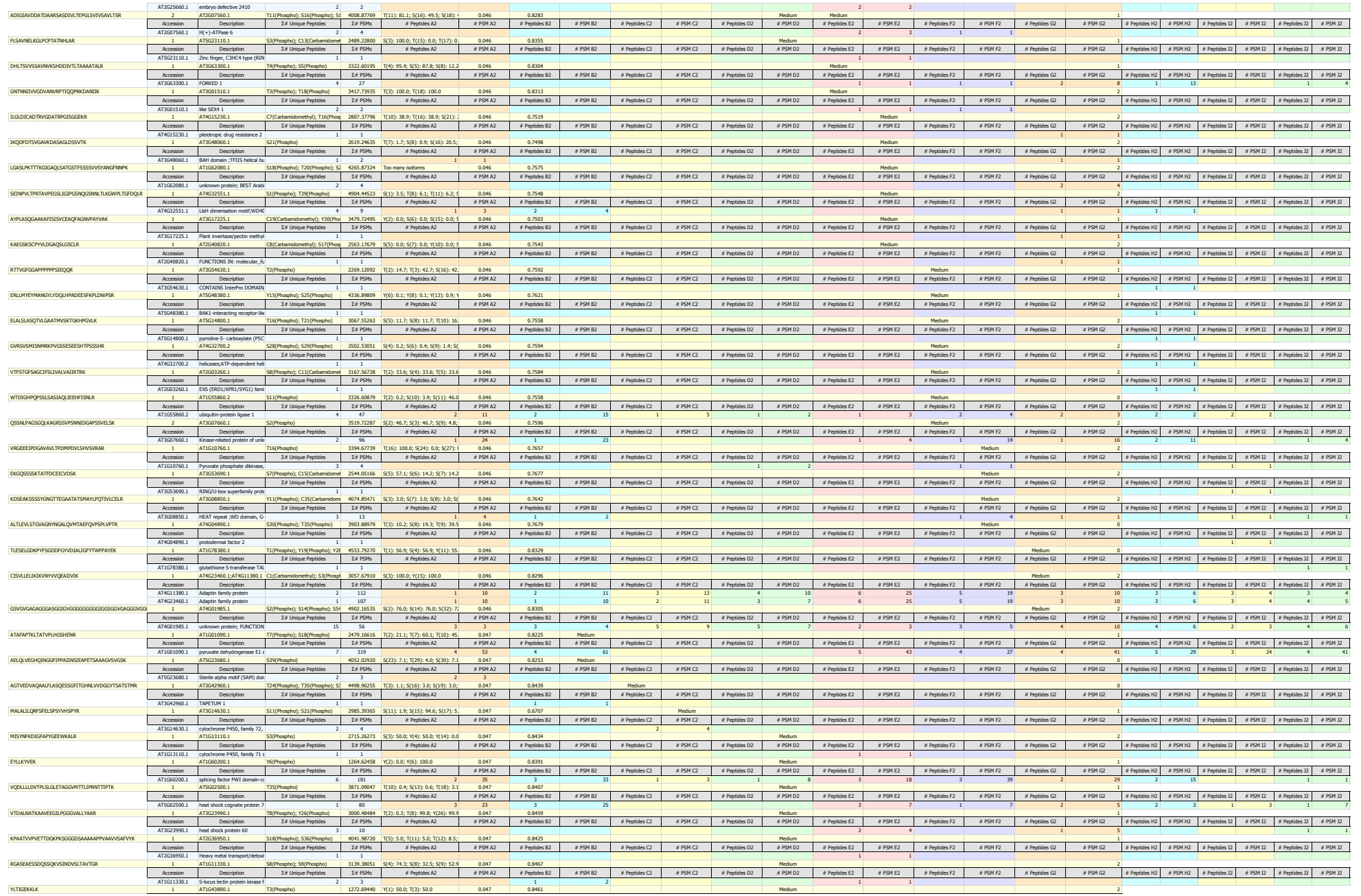
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65010.2	asparagine synthetase 2	10	985	8	96	8	129	3	14	3	20	12	180	11	114	12	132	10	103	11	85	10	112
FRTSLEGFVGQLNQFAESSVK	1	AT2G27090.1	S19(Phospho)	2424.16689	T(3): 0.0; S(4): 0.0; S(18): 50.0;	0.041	0.7081							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G27090.1	Protein of unknown function (	1	1													1	1						
ELAVATQPAVDVKVVGGEPSGK	1	AT2G32910.1	T6(Phospho)	2231.12075	T(6): 100.0; S(20): 0.0	0.041	0.7071							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32910.1	DCD (Development and Cell I	2	2													2	2						
ELFNKETSALLEK	1	AT3G21990.1	T7(Phospho); S8(Phospho)	1681.73760	T(7): 100.0; S(8): 100.0	0.041	0.7154								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G21990.1	Domain of unknown function	1	1															1	1				
EGIVPGGGATYIHLLDEIPRIK	1	AT5G18820.1	T10(Phospho)	2428.25846	T(10): 50.0; Y(11): 50.0	0.041	0.7126								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18820.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam	2	2									1	1					1	1				
GTITASGDLVPLSYIAGLLTGRPNSKAVGPSGETLTASEAFK	1	AT3G10340.1	T2(Phospho); T4(Phospho); S38(	4387.08295	T(2): 38.6; T(4): 38.6; S(6): 38.6	0.041	0.7335									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G10340.1	phenylalanine ammonia-lyase	2	5	1	2	1	1					1	1							1	1		
IEVSAAASSSAGNGAPSKSFDYDLIIIGAGVGGHGAALHAVEK	1	AT4G16155.1	S19(Phospho)	4175.02846	S(4): 1.8; S(8): 1.8; S(9): 1.8; S(	0.041	0.7235									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G16155.1	dihydrolipoyl dehydrogenases	4	21	2	8	1	11													1	1	1	1
LGLRSETEQVVRHASPTGETGMLVVDSVVPSGPADK	1	AT3G03380.1	S27(Phospho); S31(Phospho)	3878.84023	S(5): 3.1; T(7): 7.2; S(15): 25.0;	0.041	0.7786									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G03380.1	DegP protease 7	6	40	1	2	1	2					2	8	2	5	1	5	2	8	2	4	3	6
YAIVEELASFGAIIHICDISETLLSQSLSEWEK	1	AT2G29310.2	C17(Carbamidomethyl); S27(Pho	3831.83510	Y(1): 0.1; S(9): 0.1; S(20): 0.0;	0.041	0.779										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29310.2	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	1																			1	1
LSVSRGASSETADIEEEEGGDAATAKGR	1	AT4G15890.1	S2(Phospho)	2744.23679	S(2): 73.4; S(4): 24.2; S(8): 1.4;	0.041	0.7806									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G15890.1	binding	3	3											1	1							2	2
ANLNEIIKNMIKAADLTSGK	1	AT4G10120.1	S18(Phospho)	2224.13816	T(17): 50.0; S(18): 50.0	0.042	0.7817	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10120.1	Sucrose-phosphate synthase	2	40	2	3	1	4					1	8	1	6	1	2	1	3	1	7	1	7
LLQSGLQIAIVGRPNVGKSSLLNAWSK	1	AT1G78010.1	S26(Phospho)	2929.60317	S(4): 16.2; S(19): 27.9; S(20): 2	0.042	0.778	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G78010.1	tRNA modification GTPase, pa	1	1	1	1																		
VETELSSICSGILRLLDSHLIPSATASESK	2	AT5G65430.2	C9(Carbamidomethyl); S29(Phosp	3291.64328	T(3): 0.0; S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.042	0.7829	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G65430.2	general regulatory factor 8	2	77	2	5	1	3	1	6	1	5	1	14	1	12	1	6	1	10	1	7	1	9
TSISSTVDLVPPSHTR	1	AT3G58720.2	T1(Phospho); S2(Phospho); S4(P	1936.77605	T(1): 99.8; S(2): 99.8; S(4): 99.5	0.042	0.7837	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G58720.2	RING/U-box superfamily prote	1	1	1	1																		
SSSKGSASAQGSASAQGSASAQGSASAQGSASAQR	2	AT3G28830.1	S1(Phospho); S2(Phospho); S3(P	3950.03757	Too many NL-allowing PTMs	0.042	0.7851	Medium									Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G28830.1	Protein of unknown function (	3	4	2	2	1	1															1	1
ICLTSFPASRDLKK	1	AT3G20330.1	C2(Carbamidomethyl); S5(Phosph	1715.85723	T(4): 0.7; S(5): 99.3; S(9): 0.0	0.042	0.7974	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G20330.1	PYRIMIDINE B	1	1			1	1																
MVSSLLMSFAPATVRVYATSTKGGSGGPK	1	AT3G47070.1	T19(Phospho); S20(Phospho)	3060.42153	S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.0; T(	0.042	0.7968	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G47070.1	LOCATED IN: thylakoid, chlor	1	1			1	1																
IVITTSSK	1	AT5G45200.1	S6(Phospho)	928.47490	T(4): 7.0; T(5): 7.0; S(6): 43.0; S	0.042	0.799	Medium										0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G45200.1	Disease resistance protein (TI	2	3			2	2					1	1										
AWPALLPELIANLQNAALAGDYVSVNGILGTASSIFKK	1	AT2G46520.1	Y22(Phospho); S24(Phospho); T3	4166.03237	Y(22): 98.8; S(24): 97.7; T(31):	0.042	0.8028	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G46520.1	cellular apoptosis susceptibilit	7	198	2	12	3	11	4	37	3	35	5	26	4	32	3	24	4	10	4	8	2	3
FNRRLLLGVGSSSVLAIGANFGGTTSFILGLSPGIGR	1	AT3G05410.1	S11(Phospho); S32(Phospho)	3864.97378	S(11): 16.8; S(12): 16.8; S(13):	0.042	0.7919	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G05410.1	Photosystem II reaction cente	1	1			1	1																
CGGAIISDYAPLVTKAK	1	AT3G16770.1	C1(Carbamidomethyl); S7(Phosph	1843.90105	S(7): 46.8; Y(9): 6.4; T(14): 46.8	0.042	0.7993	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G16770.1	ethylene-responsive element	1	1			1	1																
ATSAAGTIMTLSSWATCSVEEVASTGPGIRFFQLYVYK	1	AT4G18360.2	T16(Phospho); C17(Carbamidom	4339.89760	Too many isoforms	0.042	0.7961	Medium										1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G18360.2	Aldolase-type TIM barrel fami	1	1			1	1																
ETGIKLVAVEISLTFGNRK	1	AT5G59860.1	S12(Phospho)	2155.15874	T(2): 0.0; S(12): 99.0; T(14): 1.0	0.042	0.7941	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G59860.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	1	1			1	1																
NPFLNPSSSSFSPLPASISSSSSSPSFPLR	1	AT4G34740.1	S19(Phospho); S20(Phospho); S2	3321.42885	Too many isoforms	0.042	0.7967					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G34740.1	GLN phosphoribosyl pyrophos	6	212	3	14	4	26			2	2	4	34	4	27	3	20	5	28	5	29	5	32
VETDDERDSEPDIIDGAGAEPGHVIRTTLR	1	AT1G09840.1	S9(Phospho); T27(Phospho)	3423.51235	T(3): 70.9; S(9): 29.0; T(27): 50.	0.042	0.801					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G09840.1	shaggy-like protein kinase 41	1	1							1	1												
LLLSPSVSETSEKPLVASPITSPYWK	2	AT5G18760.1	T10(Phospho); Y24(Phospho)	2989.44944	S(4): 0.1; S(6): 0.4; S(8): 1.8; T(	0.042	0.7873					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G18760.1	RING/U-box superfamily prote	2	4			1	2					1	2										
IRVCNYCFRQWEQGDGGPHVSNITELSTSPSETSLSSK	3	AT3G14270.1	C4(Carbamidomethyl); Y6(Phosp	4600.04835	Y(6): 100.0; S(21): 98.4; T(24):	0.042	0.7934							Medium		Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14270.1	phosphatidylinositol-4-phosph	2	3											2	3								
MSGLPLLSDKLEK	1	AT3G59100.1	S8(Phospho)	1510.75090	S(2): 1.2; S(8): 98.8	0.042	0.8007									Medium		1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G59100.1	glucan synthase-like 11	2	2			1	1							1	1								
GLLESDQVLFGTGASTDSIVTEYSRNPSR	1	AT1G14540.1	S28(Phospho)	3179.48764	S(5): 0.0; T(12): 0.1; S(15): 0.4;	0.042	0.7956								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G14540.1	Peroxidase superfamily prote	1	1											1	1								
GSVGVGAGAGGGASGIGVGGGGGGGGGIGGSGGVGAGGGVGG	1	AT4G01985.1	S2(Phospho)	4742.22211	S(2): 32.3; S(14): 25.1; S(32): 2	0.042	0.7946									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G01985.1	unknown protein; FUNCTION	15	56	3	3	3	4	5	9	5	7	2	3	3	5	4	10	4	6	2	3	4	6
ARALSLTVTATGGSRNNK	1	AT3G43540.1	S5(Phospho); T7(Phospho)	1976.92618	S(5): 96.1; T(7): 96.1; T(9): 6.1;	0.042	0.7124							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G43540.1	Protein of unknown function (	1	1													1	1						
ILTLEPEHALKIIGYILFQDFGHTELIRLAFCPALHYK	1	AT1G51530.1	T3(Phospho); T24(Phospho); C32	4640.35718	T(3): 42.1; Y(15): 57.9; T(24): 6	0.042	0.7118							Medium				2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51530.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP	1	1													1	1						
LLQTAGLKPDVTVAGDGTGDVLTVNEAVAKVPK	1	AT1G53840.1	T4(Phospho)	3356.75791	T(4): 34.2; T(12): 21.9; T(18): 2	0.042	0.7143							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G53840.1	pectin methylesterase 1	1	1													1	1						
GNASQVHQLVGMRGLMSDPQGQMIDLPIQSNLR	1	ATCG00170.1	S17(Phospho)	3670.76992	S(4): 1.1; S(17): 83.1; S(30): 15.	0.042	0.7128							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	ATCG00170.1	DNA-directed RNA polymeras	2	2													1	1			1	1		
SHTEGYFHAKISGFGLTSVK	1	AT1G64300.1	Y6(Phospho); S18(Phospho)	2326.02993	S(1): 6.6; T(3): 6.6; Y(6): 86.8; S	0.042	0.7288							Medium				1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G64300.1	Protein kinase family protein	1	1															1	1				

| | | |

	AT3G60240.2	eukaryotic translation initiatio	4	50									2	10	1	2	3	14	1	6	1	4	1	14
IHESVVMDLCQVLDQELDALEIETVQKETIHPR	1	AT1G80070.1	C10(Carbamidomethyl); T24(Pho	3967.92844	S(4): 0.1; T(24): 49.9; T(29): 49.		0.043	0.7361							Medium			1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G80070.1	Pre-mRNA-processing-splicing	1	1																1	1					
ETPEQWIPVLR	1	AT5G09900.1;ATSG09900.3	T2(Phospho)	1447.68987	T(2): 100.0		0.043	0.7379							Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G09900.1	26S proteasome regulatory s	3	156		3	5	4	8	2	17	2	13	6	37	7	21	5	14	4	13	4	11	3	17		
	AT5G09900.3	26S proteasome regulatory s	1	79		2	3	3	4	1	10	1	9	3	12	4	5	3	7	3	5	2	9	2	15		
SSRSLQSLTTTAKTR	1	AT3G17800.1	S1(Phospho); S2(Phospho)	1796.82877	S(1): 66.6; S(2): 66.6; S(4): 66.6		0.043	0.7514								Medium		2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G17800.1	Protein of unknown function (	1	1																		1	1			
TIPILSDIPEPPPLPPKPLVKPSASKGSKR	2	AT5G37180.1	T1(Phospho); S6(Phospho); S23(	3399.76748	T(1): 94.4; S(6): 94.0; S(23): 88.		0.043	0.7502								Medium	Medium	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G37180.1	sucrose synthase 5	1	1																		1	1			
IIVPPELGYPDNDYNKSGPRPMTFSGQR	1	AT5G13410.1	T23(Phospho)	3228.52658	Y(9): 0.0; Y(14): 0.0; S(17): 1.1;		0.043	0.8053									Medium	1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G13410.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-t	2	6		1	1							1	2	1	1	1	1					1	1	
LASVANQSDRKTCTSLSFSGR	2	AT2G34150.1	C13(Carbamidomethyl); T14(Pho	2365.08291	S(3): 0.0; S(8): 0.0; T(12): 0.1; T		0.043	0.808									Medium	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT2G34150.1	SCAR family protein	1	2																				1	2	
GMESLDVVPASKAQTLQRSGR	1	AT1G26370.1	S19(Phospho)	2310.11709	S(4): 0.0; S(11): 1.0; T(15): 4.3;		0.043	0.8096									Medium	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G26370.1	RNA helicase family protein	1	1																				1	1	
LQDDLNPVASYTDPKRISLPPFVTLPR	1	AT5G54560.1	T24(Phospho)	3196.61020	Y(8): 8.0; S(10): 20.4; Y(11): 3.5		0.043	0.8065									Medium	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G54560.1	Protein of unknown function (	1	1																				1	1	
GNPGLSGAAAVLKTEDGSLIFKMR	1	AT5G51080.3	T14(Phospho)	2512.24692	S(6): 0.0; T(14): 99.9; S(18): 0.1		0.043	0.7984									Medium	2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G51080.3	RNase H family protein	1	1																				1	1	
DKLLDGSGEPFFVLNSDVISEYPLK	1	AT2G39770.1	S16(Phospho)	2862.36802	S(7): 0.0; S(16): 99.9; S(20): 0.0		0.044	0.8021	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT2G39770.1	Glucose-1-phosphate adenyly	1	1		1	1																			
TRSPSPALGR	1	AT3G48860.1	S3(Phospho)	1121.53984	T(1): 3.0; S(3): 96.3; S(5): 0.7		0.044	0.8046	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G48860.1	unknown protein; INVOLVED	2	3		2	3																			
ALYQKSSILILDEATSALDSLSELLVR	1	AT5G03910.1	Y3(Phospho); S7(Phospho)	3108.56137	Y(3): 87.3; S(6): 56.2; S(7): 56.2		0.044	0.8022	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G03910.1	ABC2 homolog 12	1	1		1	1																			
FDSLVLCVAGTDGSFRLVEVHLDEK	1	AT2G26610.1	S3(Phospho); C7(Carbamidometh	2966.34702	S(3): 83.4; T(11): 33.2; S(14): 8		0.044	0.8028	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT2G26610.1	Transducin family protein / W	1	1		1	1																			
KGTVQLGGETLTIGQVAAVASGGPTVELSEEAR	1	AT5G04230.1	T3(Phospho); T10(Phospho); T12	3545.54970	T(3): 100.0; T(10): 100.0; T(12):		0.044	0.8035	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G04230.1	phenyl alanine ammonia-lyase	1	4		2	3	1	1																	
LLLIRGYTVK	1	AT1G09480.1	T8(Phospho)	1255.71668	Y(7): 50.0; T(8): 50.0		0.044	0.8039	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G09480.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	1		1	1																			
TTGTVLDSGDGVSYIVPIYEGSALPHAILRLDLAGR	1	AT2G42170.1	S22(Phospho)	3806.92307	T(1): 0.0; T(2): 0.0; T(4): 0.0; S(		0.044	0.8039	Medium									1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT2G42170.1	Actin family protein	2	3		2	3																			
MAPAQNQITSKHVAVIGAGPAGLITSRELR	1	AT1G62560.1	S10(Phospho); T25(Phospho); S2	3326.60171	T(9): 79.9; S(10): 79.9; T(25): 4		0.044	0.8197	Medium									2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G62560.1	flavin-monooxygenase glucos	1	1				1	1																	
DLLIVTTGSQAEPRAALNLASYGSSHAFKLTK	1	AT5G63420.1	S25(Phospho); T31(Phospho)	3519.73020	T(6): 1.7; T(7): 1.7; S(9): 1.6; S(		0.044	0.8212	Medium									2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G63420.1	RNA-metabolising metallo-bet	1	1				1	1																	
TMPSHSKPFSTNIISSTIAIVTGNEVVK	1	AT2G21385.4	T17(Phospho); T22(Phospho)	3118.50949	T(1): 0.1; S(4): 0.1; S(6): 0.3; S(		0.044	0.8215	Medium									0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT2G21385.4	unknown protein.	2	2				1	1									1	1							
FLPETSIGEK	1	AT3G52540.1	S6(Phospho)	1200.55359	T(5): 3.1; S(6): 96.9		0.044	0.8151	Medium									0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G52540.1	ovate family protein 18	1	1				1	1																	
AWSPGWSNGDKALTTFINGPLLEYSK	1	AT4G08920.1	S7(Phospho); S25(Phospho)	3012.34926	S(3): 50.0; S(7): 50.0; T(14): 75.		0.044	0.6493			Medium							1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT4G08920.1	cryptochrome 1	6	34						2	6	1	4	2	4	3	11			1	4	1	2	2	3		
ISVDHVAHLKPSDGSAATQLAAHLTGIHSAIKMLNSRIR	1	AT4G26430.1	S2(Phospho); S12(Phospho); S3	4413.12339	S(2): 42.8; S(12): 42.8; S(16): 4		0.044	0.6527			Medium							2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT4G26430.1	COP9 signalosome subunit 6	1	1						1	1															
SKARPSSSSLAASLLPSGSAAAVGFGGYVGSSR	1	AT5G58410.1	S13(Phospho)	3162.74043	S(1): 0.0; S(6): 0.1; S(7): 0.5; S(		0.044	0.646			Medium							1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G58410.1	HEAT/U-box domain-containi	1	1						1	1															
AYNRPSEEAVAKPSSK	1	AT5G24690.1	S6(Phospho)	1813.85637	Y(2): 81.2; S(6): 18.6; S(14): 0.0		0.044	0.8157							Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G24690.1	Protein of unknown function (	1	1										1	1											
LAAGAAVIAAASGGAVYLSPSVASSDKGSGGPILDSLR	1	AT3G10370.1	S12(Phospho); S21(Phospho)	3529.72336	S(12): 85.3; Y(17): 16.9; S(19):		0.044	0.8132							Medium			1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G10370.1	FAD-dependent oxidoreducta	2	2				1	1					1	1											
SSTSLLSSK	1	AT4G39470.1	T3(Phospho)	989.45098	S(1): 0.5; S(2): 10.9; T(3): 64.7;		0.044	0.8089							Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT4G39470.1	Tetratricopeptide repeat (TPR	1	1										1	1											
VMTRKSVDDPGEPPGIVLSAATSVWLPAAPQR	1	AT4G00730.1	T3(Phospho); T22(Phospho)	3505.69004	T(3): 25.3; S(6): 74.6; S(19): 85.		0.044	0.8085							Medium			2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT4G00730.1	Homeobox-leucine zipper fam	2	3										1	1	1	2									
DLFQAVSYQNTASLSLFQALSVVESK	1	AT1G66240.1	S21(Phospho)	2925.44107	S(7): 0.3; Y(8): 0.2; T(11): 0.3; S		0.044	0.8141							Medium			0								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G66240.1	homolog of anti-oxidant 1	3	37		1	10	1	14					2	5	1	3	2	2	1	3					
MASNDLKTWVSDKLMMLLGYSQAAVVNYLIAMAK	1	AT1G32490.2	S3(Phospho)	3855.88767	S(3): 29.3; T(8): 11.8; S(11): 11.		0.044	0.8119							Medium			2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G32490.2	RNA helicase family protein	1	1										1	1											
NVVAMAAVSALFLLGFLVCSVSGSVSYDSRAITINGK	1	AT3G13750.1	C19(Carbamidomethyl); Y27(Pho	3976.92959	S(9): 0.4; S(20): 12.2; S(22): 12.		0.044	0.8118							Medium			1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G13750.1	beta galactosidase 1	10	173		6	28	7	41					6	36	6	12	3	12	6	25	3	6	3	13		
DTYGVYSDPVDPEELPDYFEIIKNPMDFSTLRNK	2	AT1G20670.1	T2(Phospho); Y6(Phospho); S7(P	4247.81721	T(2): 57.6; Y(3): 57.6; Y(6): 96.5		0.044	0.8114							Medium			2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT1G20670.1	DNA-binding bromodomain-co	1	2												1	2									
MVEQTQHPTILQKVSGQLLSSSVSQDIR	1	AT5G13490.1	S21(Phospho)	3189.59609	T(5): 0.0; T(9): 0.1; S(15): 0.4; S		0.044	0.8182							Medium			1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT5G13490.1	ADP/ATP carrier 2	2	4												1	1	1	3							
AMPNTLMFRPADGNETAGAYKIAVTK	1	AT3G60750.1	T5(Phospho)	2847.35556	T(5): 98.9; T(16): 0.3; Y(20): 0.5		0.044	0.7263							Medium			1								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT3G60750.1	Transketolase	8	537		5	71	6	101	1	3	1	9	6	78	5	60	5	57	5	42	6	51	4	65		
FPPEIELKDIKSR	1	AT4G30230.1	S12(Phospho)	1651.85300	S(12): 100.0		0.044	0.7341							Medium			2								
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2		
	AT4G30230.1	unknown protein; Has 42 Bla	1	1														1	1							
SEAGVPLTISQQFVAGAGAGFAVSFLACPTELIKCR	1	AT5G46800.1	C28(Carbamidomethyl); T30(Pho	3832.88173	S(1): 0.1; T(8): 0.3; S(10): 0.5; S		0.044	0.7323							Medium			1								







	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G43890.1	RAB GTPASE HOMOLOG B1B	2	11			1	1	1	5	1	4	1	1										
ILQLNGRDSPSSISPTVIGGGLHVAHGSK	1	AT5G41330.1	S14(Phospho); S28(Phospho)	3057.47953	S(9): 8.1; S(11): 65.5; S(12): 3.3	0.047	0.842					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/	3	6									1	1	2	4							1	1
DITIRNTAGPENHQAVALRSNSDMSVFYR	1	AT4G00190.1	T3(Phospho)	3342.55654	T(3): 98.1; T(7): 1.8; S(20): 0.0;	0.047	0.8478					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00190.1	pectin methylesterase 38	2	2			1	1					1	1										
SQSILVSGESGAGKTETTK	1	AT4G33200.2	S10(Phospho); T15(Phospho)	2039.89370	S(1): 17.0; S(3): 1.5; S(7): 64.5;	0.047	0.8374					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G33200.2	myosin, putative	1	1											1	1								
KYGVMASSSTDGIKAPVVLLIDDLPLANGR	1	AT5G66130.1	Y2(Phospho); S7(Phospho); S9(P	3340.56777	Y(2): 87.1; S(7): 58.2; S(8): 58.2	0.047	0.8432					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G66130.1	RADIATION SENSITIVE 17	1	1											1	1								
IIVIEMIVPREVSETDLATKNSLSADLTMMSLTSGGK	1	AT1G51990.1	T15(Phospho); T19(Phospho)	4109.97580	S(13): 25.8; T(15): 65.2; T(19): 7	0.047	0.8377					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51990.1	O-methyltransferase family pr	2	2			1	1							1	1								
GTKTMARGGPASNAGGR	1	AT5G13020.1	T2(Phospho); T4(Phospho)	1748.73703	T(2): 98.7; T(4): 96.9; S(12): 4.4	0.047	0.8358					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G13020.1	Emsy N Terminus (ENT)/ plan	1	1											1	1								
RNRSSSGSGEFVGNPDLLK	1	AT1G72040.1	S4(Phospho)	2099.98679	S(4): 72.3; S(5): 19.8; S(6): 5.9;	0.047	0.8383					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G72040.1	P-loop containing nucleoside	2	4	1	3									1	1								
SRSINYILR	1	AT3G24860.1	S1(Phospho); S3(Phospho)	1281.57456	S(1): 53.0; S(3): 94.0; Y(6): 53.0	0.047	0.7663					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G24860.1	Homeodomain-like superfamil	1	1													1	1						
TQNAQVHAAVSVAAVASAVAAVAAATAASSPGKNEQMAR	1	AT3G63300.1	S11(Phospho); S17(Phospho)	3836.80002	T(1): 22.2; S(11): 34.1; S(17): 3	0.047	0.7713					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G63300.1	FORKED 1	4	27									1	1	1	1	2	8	1	13			1	4
IGLFTIASVVGSDGGVIAGLAACGVMMSIVSTAADLMQDFK	1	AT3G27020.1	S8(Phospho); C23(Carbamidomet	4404.95405	S(8): 69.2; S(12): 31.7; S(28): 9	0.047	0.7699					Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G27020.1	YELLOW STRIPE like 6	1	1													1	1						
SESALKPAAPIGNTEPGTLPSGAGVSSPSSSTPASTTRR	1	AT4G38600.2	S1(Phospho); S3(Phospho); T14(	4043.73794	Too many isoforms	0.047	0.7612					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G38600.2	HEAT repeat ;HECT-domain (	1	1													1	1						
KPSSFYTSNGDDEESKLR	2	AT1G12800.1	Y6(Phospho); T7(Phospho)	2215.80102	S(3): 20.8; S(4): 20.8; Y(6): 52.7	0.047	0.7626					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G12800.1	Nucleic acid-binding, OB-fold	3	13	1	1							2	3	2	3	2	3	1	1			1	2
ESLAQAHEAAQASSLK	2	AT4G40020.1	S13(Phospho)	1720.78127	S(2): 33.3; S(13): 33.3; S(14): 3	0.047	0.7597					Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G40020.1	Myosin heavy chain-related p	3	7			2	3									2	4						
AARKASEEVGAQLVLGDRPIEITLQR	1	AT5G52030.1	S6(Phospho); T23(Phospho)	2980.49540	S(6): 100.0; T(23): 100.0	0.047	0.7693					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G52030.1	Tra8 family protein	2	2													1	1	1	1				
KSETVSQNGSPPRR	1	AT1G04450.1	T4(Phospho)	1622.76687	S(2): 13.5; T(4): 0.6; S(6): 72.4;	0.047	0.7652								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G04450.1	ROP-interactive CRIB motif-co	1	1															1	1				
IGLLGASGYTGAEIVRLLANHPHFQVTLMTADRK	1	AT2G19940.1	Y9(Phospho); T10(Phospho); T3(	3889.86977	S(7): 42.5; Y(9): 70.9; T(10): 82.	0.047	0.7694								Medium			2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G19940.1	oxidoreductases, acting on th	2	2															1	1			1	1
ILAKSQTVAGFFLVQYSQLWK	1	AT1G49670.1	S5(Phospho); T7(Phospho)	2587.26871	S(5): 99.8; T(7): 98.7; Y(16): 0.8	0.047	0.766								Medium			1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G49670.1	ARP protein (REF)	1	1															1	1				
SIVVPVTCSAAAVNLAPGTPVRPTSILVVGATGTLGR	1	AT4G35250.1	C8(Carbamidomethyl); S9(Phospl	3761.94472	S(1): 26.2; T(7): 11.9; S(9): 62.3	0.047	0.7666								Medium			0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fo	1	1															1	1				
SASSSDPSVLGKLLRLIFHDCFVQGCDGSVLIR	1	AT2G24800.1	S3(Phospho); C21(Carbamidomet	3793.78115	S(1): 14.8; S(3): 14.8; S(4): 40.9	0.047	0.7764									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G24800.1	Peroxidase superfamily protei	1	1																	1	1		
ITIGGAAGGRVHGGALAGSLIAASPVQVVIGSFWPLITNSR	1	AT2G36560.1	T2(Phospho); T38(Phospho); S4(	4211.09008	T(2): 92.8; S(19): 11.5; S(24): 8	0.047	0.8448										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G36560.1	AT hook motif DNA-binding fa	1	1																			1	1
HAFIIGSAGGVLAVLIGALCFTAYK	1	AT3G04690.1	C20(Carbamidomethyl); T22(Pho	2709.33176	S(7): 5.1; T(22): 97.4; Y(24): 97.	0.047	0.8407										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3GD4690.1	Malectin/receptor-like protein	1	1																			1	1
LLLRPIYKQIAENRNAEIIFSANTLLVILGTSLLTAR	1	AT1G01790.1	S20(Phospho); T23(Phospho); T3	4425.16157	Y(7): 4.8; S(20): 97.1; T(23): 98.	0.047	0.8419										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G01790.1	K+ efflux antiporter 1	4	17	2	10	2	3					1	2					1	1			1	1
SPEGGNKENLSKSK	1	AT1G45545.1	S13(Phospho)	1554.71152	S(1): 0.0; S(11): 1.1; S(13): 98.9	0.047	0.8462										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G45545.1	Plant protein of unknown fun	1	1																			1	1
DLKEKLTLAHSEINTK	1	AT4G36120.1	T7(Phospho); T15(Phospho)	1999.95682	T(7): 100.0; S(11): 0.9; T(15): 9	0.048	0.8535		Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G36120.1	Plant protein of unknown fun	1	1			1	1																
ITMKTLSIGEKVDVVAQDGSGDYK	1	AT4G00190.1	T2(Phospho); T5(Phospho); S7(P	2973.23134	T(2): 100.0; T(5): 100.0; S(7): 1	0.048	0.8561		Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G00190.1	pectin methylesterase 38	2	2			1	1					1	1										
LKDIEWFSHVMHSSTVVGELLDHLTSWDALR	1	AT2G29690.1	S14(Phospho); T26(Phospho)	3894.83437	S(8): 44.1; S(14): 20.4; S(15): 2	0.048	0.8552		Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G29690.1	anthranilate synthase 2	2	4	1	1	1	1									1	2						
ILENYIGFEGVSDFVDVGGSLGSNLAQILSK	1	AT1G51990.1	Y5(Phospho)	3321.62912	Y(5): 57.9; S(12): 2.7; S(20): 19.	0.048	0.8537		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G51990.1	O-methyltransferase family pr	2	2			1	1							1	1								
MASILRSVATTSAVVAAASAIPIAIAFSSSSSSSSTNPK	1	AT1G12520.1	S7(Phospho)	3818.89814	S(3): 63.8; S(7): 25.0; T(10): 4.5	0.048	0.8559		Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G12520.1	copper chaperone for SOD1	1	1			1	1																
ILKLTSSRSVPLTR	2	AT2G17525.1	S8(Phospho)	1737.97025	S(5): 0.0; T(6): 0.0; S(7): 0.1; S(	0.048	0.837					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G17525.1	Pentatricopeptide repeat (PPI	1	2							1	2												
SQSLQDAKSISPPSSSSSSLVACGK	1	AT4G25560.1	S19(Phospho); C23(Carbamidom	2588.17763	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(9): 0.0; S(	0.048	0.8556					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G25560.1	myb domain protein 18	1	1									1	1										
NTLLGFLGSGEGLFAQKTLEITDEVLQTYK	1	AT1G76550.1	T18(Phospho)	3365.71157	T(2): 0.0; S(10): 0.0; T(18): 76.2	0.048	0.8506					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76550.1	Phosphofructokinase family p	1	16					1	7	1	3	3	3							1	2	1	1
RNSTLRIIELNNNMIDYSGFTSLAGALLENNTIR	1	AT1G10510.1	T32(Phospho)	3903.94619	S(3): 0.9; T(4): 1.1; Y(17): 0.9; S	0.048	0.8487					Medium					2							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G10510.1	RNI-like superfamily protein	1	1									1	1										
TNLPKIVVWDGDEEYDQVTGIETITTQEEDHLTQVSR	1	AT1G35620.1	T23(Phospho); T32(Phospho)	4317.93176	T(1): 0.6; Y(15): 1.6; T(19): 4.2;	0.048	0.8535					Medium					1							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G35620.1	PDI-like 5-2	1	1									1	1										
LDAARPTTPRPPSPLADAPR	1	AT2G43680.2	S13(Phospho)	2179.09829	T(7): 71.6; T(8): 21.4; S(13): 7.1	0.048	0.8489					Medium					0							
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G43680.2	IQ-domain 14	1	1									1	1										

VLDEAVSSGVDIILTSGGVSMGDRDFVKPLLEEK	1	AT5G20990.1	S8(Phospho); T15(Phospho); S2(	3815.74868	S(7): 49.9; S(8): 49.9; T(15): 73.	0.048	0.8499						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G20990.1	molybdopterin biosynthesis C	2	56	1	7	1	17					2	8	1	9	1	4	1	7			1	4
VSDPLTDATGGDFLVGEDR	1	AT2G39950.1	S2(Phospho)	2043.88784	S(2): 57.4; T(6): 21.3; T(9): 21.3	0.048	0.8458						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G39950.1	unknown protein; Has 978 Bl	2	3											1	1							1	2
AEIVKDTFYQTALDDAISLGKITVVQLPIDVR	1	AT1G21640.1	T7(Phospho); Y9(Phospho); S18(	3771.83237	T(7): 87.9; Y(9): 75.4; T(11): 45.	0.048	0.8447						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G21640.1	NAD kinase 2	6	43	1	3	1	2	1	2	2	10	4	14	2	2	4	7	2	3				
YDPGFLIDKAHTATTSR	1	AT2G30170.2	Y1(Phospho); S16(Phospho)	2052.88785	Y(1): 100.0; T(12): 5.0; T(14): 1	0.048	0.7829						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G30170.2	Protein phosphatase 2C famil	2	73	1	13	1	14					1	8	1	7	2	7	1	7	1	6	1	11
DCYDSLLNAAAATANSAYEFSESLRELGACLLEK	1	AT2G33490.1	C2(Carbamidomethyl); Y3(Phospl	3832.70226	Y(3): 93.4; S(5): 6.5; T(13): 0.0;	0.048	0.7837						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G33490.1	hydroxyproline-rich glycoprot	1	1													1	1						
KPSGGIESLRAIPWIFAWTQTRFHLPVWLGFGGAFK	1	AT2G42600.2	S8(Phospho)	4151.16010	S(3): 50.0; S(8): 50.0; T(19): 0.1	0.048	0.7754						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G42600.2	phosphoenolpyruvate carbox	1	1													1	1						
TFIDVFYLAHMALQLRTAYIAPSSR	1	AT5G57940.3	T1(Phospho)	2964.49476	T(1): 84.1; Y(7): 15.9; T(17): 0.0	0.048	0.7838						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G57940.3	cyclic nucleotide gated chann	1	1													1	1						
YMQQYTDVELSALGMAIATVVTVAEILKNNGFAVEK	1	AT1G29250.1	Y1(Phospho); T6(Phospho)	4076.94166	Y(1): 51.8; Y(5): 51.8; T(6): 60.3	0.048	0.774						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G29250.1	Alba DNA/RNA-binding protei	1	2											1	1	1	1						
ECTLAALDLWLGAVHLDKMIPYIIALTDGK	1	AT2G35630.1	C2(Carbamidomethyl); Y22(Phos	3613.79953	T(3): 37.1; Y(22): 76.6; T(28): 8	0.048	0.7768						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G35630.1	ARM repeat superfamily prote	1	1													1	1						
GKEEGTNTGSASLAVGLFVKPLFEAMGEQNK	1	AT4G27060.1	S12(Phospho)	3289.57558	T(6): 2.8; T(8): 8.0; S(10): 8.0; S	0.048	0.7702						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G27060.1	ARM repeat superfamily prote	1	1															1	1				
DLFPLLECFTSISQALGVGFAPFAQPVFQR	3	AT2G16950.2	C8(Carbamidomethyl); T10(Phos	3515.63457	T(10): 66.7; S(11): 66.7; S(13): 4	0.048	0.7739						Medium					0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G16950.2	transportin 1	13	340	2	6	2	12	4	40	3	32	9	66	11	63	7	25	5	21	8	45	5	30
DJRTGTLSSEITDSSVR	1	AT5G54510.1	T12(Phospho)	1916.89089	T(4): 0.0; T(6): 0.0; S(8): 0.0; S(	0.048	0.7803						Medium					1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G54510.1	Auxin-responsive GH3 family	1	1																	1	1		
GGLVSILNLGLPKRISAADAK	1	AT3G43300.2	S5(Phospho); S16(Phospho)	2253.16916	S(5): 100.0; S(16): 100.0	0.048	0.7812						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G43300.2	HOPM interactor 7	13	216	2	4	1	2	5	48	3	33	6	29	9	34	8	19	4	9	7	20	5	18
TGESIPIINSLELRPLINDTYNTQSGSLK	1	AT2G04300.1	S4(Phospho); S10(Phospho)	3333.61484	T(1): 72.6; S(4): 30.9; S(10): 93.	0.048	0.7783									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G04300.1	Leucine-rich repeat protein k	2	4			1	2					1	1							1	1		
GTATAALKSEFFSTRPLPCDPSSLPKYPPSK	1	AT1G53050.1	S9(Phospho); S13(Phospho); C1(	3510.65053	T(2): 0.1; T(4): 0.2; S(9): 99.7; S	0.048	0.7861									Medium		2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G53050.1	Protein kinase superfamily pr	1	1																	1	1		
GSIYCLMNFMASSGEALLVSGGSDGLLVLWSADHGADSR	1	AT5G24710.1	C5(Carbamidomethyl); S38(Phos	4123.83706	S(2): 0.0; Y(4): 0.0; S(12): 0.1; S	0.048	0.7795									Medium		0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G24710.1	Transducin/WD40 repeat-like	1	1																	1	1		
LVSEAGVGVIASGVVK	1	AT5G53460.1	S3(Phospho); S12(Phospho)	1644.80849	S(3): 100.0; S(12): 100.0	0.048	0.8555										Medium	0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G53460.1	NADH-dependent glutamate	1	1																			1	1
LIGATARVSAASFGGSGGGGGGGSVNVPMGIPMSSR	1	AT3G14180.1	S9(Phospho); S12(Phospho)	3379.53073	T(5): 50.6; S(9): 72.0; S(12): 55.	0.048	0.8517										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G14180.1	sequence-specific DNA bindi	1	1																			1	1
YAAISQDNGLVPIVEPEILLDGDHPIERTLEVAEK	1	AT2G01140.1	Y1(Phospho); T29(Phospho)	4003.92959	Y(1): 84.2; S(5): 17.3; T(29): 98.	0.048	0.8523										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G01140.1	Aldolase superfamily protein	1	1																			1	1
VGSPISAIPQRILASKNTLLPPDSPGTSSLMAK	1	AT5G50180.1	S6(Phospho); S15(Phospho)	3506.77797	S(3): 49.9; S(6): 49.9; S(15): 95.	0.048	0.8524										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G50180.1	Protein kinase superfamily pr	1	1																			1	1
LNHPNVIKLQGLVTSRVSCSLYLVFEYMEHDLSGLAATQGLK	2	AT5G50860.1	T14(Phospho); C19(Carbamidom	4941.23139	T(14): 37.3; S(15): 37.3; S(18): 3	0.048	0.856										Medium	2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G50860.1	Protein kinase superfamily pr	1	2																			1	2
AEATDVANAVLDGSDAILLGAETLRGLYPVETISTVGR	1	AT3G52990.1	T4(Phospho); T35(Phospho)	4017.95576	T(4): 93.8; S(14): 82.7; T(23): 4.	0.048	0.8554										Medium	1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein	4	5			1	1	1	1			1	2									1	1
LTTHPSLADQNAQNKEARQLR	1	AT1G16710.2	T2(Phospho)	2471.22672	T(2): 46.0; T(3): 46.0; S(6): 8.0	0.049	0.8419	Medium										2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G16710.2	histone acetyltransferase of t	2	2	2	2																		
IHSLDLSSSELTGIVPEIQNLTELK	1	AT1G07560.1	S7(Phospho)	2929.50380	S(3): 41.9; S(7): 41.9; S(8): 12.3	0.049	0.8625		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G07560.1	Leucine-rich repeat protein k	1	1			1	1																
ARMKELTEELEVEK	1	AT4G10730.1	T7(Phospho)	1784.83855	T(7): 100.0	0.049	0.8568		Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G10730.1	Protein kinase superfamily pr	1	1			1	1																
KEVAYVLGNLCVESAEGDR	1	AT5G03070.1	C11(Carbamidomethyl); S14(Pho	2189.00040	Y(5): 0.0; S(14): 100.0	0.049	0.8564		Medium									1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03070.1	importin alpha isoform 9	1	1			1	1																
MASTFTATSSLGSLLAPNAIKLSSATSISSSSFGRR	1	AT3G13470.1	S3(Phospho); T4(Phospho); T6(P	4644.39438	Too many NL-allowing PTMs	0.049	0.8589		Medium									2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G13470.1	TCP-1/cpn60 chaperonin fam	4	264	3	30	4	46	1	12	2	12	3	24	2	26	2	34	2	19	4	24	5	37
SSAYCSSAVAVSAAATASSAATFNPLLSSHSNSQLFYR	2	AT3G52380.1	C5(Carbamidomethyl); S6(Phospl	3961.82187	S(1): 0.2; S(2): 0.2; Y(4): 1.4; S(	0.049	0.8567		Medium									0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G52380.1	chloroplast RNA-binding prote	2	5			1	2															1	3
NAGIRSSLSAVTLPAR	1	AT4G26780.1	S6(Phospho)	1692.88639	S(6): 30.3; S(7): 9.0; S(9): 30.3;	0.049	0.6806			Medium								1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT4G26780.1	Co-chaperone GrpE family pr	2	2					1	1													1	1
SLDISRSSSSVSR	1	AT1G12250.1	S12(Phospho)	1460.67368	S(1): 0.0; S(5): 0.0; S(7): 0.0; S(	0.049	0.8473					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G12250.1	Pentapeptide repeat-containi	1	1							1	1												
AGSAAALSSLVNR	2	AT1G10760.1	S3(Phospho); S8(Phospho)	1376.59453	S(3): 13.1; S(8): 93.5; S(9): 93.5	0.049	0.8479					Medium						0						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G10760.1	Pyruvate phosphate dikinase,	3	4							1	2			1	1					1	1		
SPVVVTKESPNSLQSHVLEIATGADVAESLNAFARR	1	AT3G55560.1	T6(Phospho)	3872.93918	S(1): 30.7; T(6): 30.7; S(9): 30.7	0.049	0.8432					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G55560.1	AT-hook protein of GA feedba	2	2	1	1					1	1												
NLVVVSSPDLTKEVLLTQGVEFGSRTR	1	AT2G30490.1	S24(Phospho); T26(Phospho)	3104.52741	S(6): 0.1; S(7): 0.1; T(11): 0.1; T	0.049	0.8469					Medium						2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G30490.1	cinnamate-4-hydroxylase	1	1							1	1												
MRLSQILVLPSFQGK	1	AT5G56740.1	S11(Phospho)	1796.94284	S(4): 0.0; S(11): 100.0	0.049	0.8612					Medium						1						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G56740.1	histone acetyltransferase of t	3	16	1	4							2	4							1	1	2	7
AVDGVTKLKSSGSVAGSR	1	AT5G47490.1	S17(Phospho)	1798.90995	T(6): 0.0; S(10): 0.0; S(11): 0.0;	0.049	0.8614						Medium					2						
	Accession	Description	Σ# Unique Peptides	Σ# PSMs	# Peptides A2	# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2

	AT5G47490.1	RGPR-related		3	30	1	8	1	10					1	1	2	5	1	6						
ASGSAESMEYVETDAWAAAYSGVAAGAALVAGLGFMAFLR	1	AT5G63490.1	Y20(Phospho); S21(Phospho)		4128.80018	S(2): 20.5; S(4): 16.0; S(7): 12.8		0.049	0.8581				Medium						0						
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G63490.1	CBS / octicosapeptide/Phox/E		2	6	1	3								2	2			1	1						
GQNEISHPTTGTTQTVDKRHCSTSALPSK	1	AT2G34090.1	S6(Phospho); C21(Carbamidomet		3378.41306	S(6): 0.1; T(9): 0.2; T(10): 0.2; T		0.049	0.8642						Medium						2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34090.1	maternal effect embryo arrest		2	2				1	1					1	1										
FFGHQGEPIVLGILVFSLGAAATFSRFFPR	1	AT3G11680.1	S17(Phospho)		3361.71401	S(17): 99.9; T(23): 0.1; S(25): 0.		0.049	0.8537						Medium						1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G11680.1	Aluminium activated malate t		1	1												1	1								
RPVVNLGGETLTIGQVAAISTVGGSVKVELAETSRAGVK	1	AT3G53260.1	T10(Phospho); S25(Phospho); T3		4184.01723	T(10): 89.5; T(12): 10.2; S(20): 4		0.049	0.8567						Medium						2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G53260.1	phenylalanine ammonia-lyase		1	4	1	2	1	1								1	1								
MIMASSAAASISMITLR	1	AT1G13280.1	S6(Phospho); S10(Phospho)		1913.83243	S(5): 0.0; S(6): 0.1; S(10): 85.7;		0.049	0.8519						Medium						0					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G13280.1	aliene oxide cyclase 4		1	1												1	1								
GQLKQAVQSMVQQAMQYIDQTLDIETRIELIK	1	AT5G64760.1	Y17(Phospho); T21(Phospho)		3878.87510	S(9): 72.7; Y(17): 28.2; T(21): 1		0.049	0.8519						Medium						2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G64760.1	regulatory particle non-ATPas		1	61	1	1	1	1	1	10	1	9	2	9	3	8	2	10	2	11	1	2			
QYTVGGRLSFFTEAIFSMVETMSHKAQK	1	AT2G34357.1	T3(Phospho)		3273.55117	Y(2): 46.6; T(3): 46.6; S(9): 3.2;		0.049	0.8534						Medium						2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G34357.1	ARM repeat superfamily prote		4	24	1	1	1	1						1	7	3	7	1	8						
MVYLPMSYLYGKRFVGPITSTVLSLR	1	AT2G07050.1	Y3(Phospho); S7(Phospho); T19(		3231.52822	Y(3): 81.4; S(7): 5.6; Y(8): 21.8;		0.049	0.7866							Medium					2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G07050.1	cycloartenol synthase 1		2	2										1	1			1	1						
FLKVSEASVSR	1	AT2G32080.2	S5(Phospho)		1302.64432	S(5): 99.5; S(8): 0.5; S(10): 0.0		0.049	0.7887							Medium					1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G32080.2	purin-rich alpha 1		2	2				1	1									1	1						
CPVSAPPGFSVPTPSRPPPPGFSSNGRDHQMIDGFSGNSR	1	AT2G28540.1	C1(Carbamidomethyl); S4(Phospl		4353.88247	S(4): 96.3; S(10): 65.6; T(13): 2		0.049	0.7862							Medium					1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G28540.1	RNA binding (RRM/RBD/RNP		2	40	1	9	1	7						1	5	1	9	1	1	1	2			1	7
YLRLENYQRPSTLVDVSSLTEANLGLSK	1	AT5G03100.1	Y7(Phospho); T20(Phospho)		3326.61440	Y(1): 23.8; Y(7): 69.2; S(11): 4.4		0.049	0.794							Medium					1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G03100.1	F-box/RNI-like superfamily pr		1	1														1	1						
YTPDGSIALGLAPTSPLLSAASNSYGEGGVGDSGGNGNSVDPPVK	1	AT5G46640.1	S6(Phospho)		4326.01333	Y(1): 39.2; T(2): 39.2; S(6): 16.7		0.049	0.7812								Medium				0					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G46640.1	AT hook motif DNA-binding fa		2	2				1	1											1	1				
LIPARWTSTGSEAQSKASTGGGGASLK	1	AT5G40650.1	T7(Phospho)		2698.30605	T(7): 49.7; S(8): 17.9; T(9): 6.9;		0.049	0.7954									Medium			2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G40650.1	succinate dehydrogenase 2-2		2	5	1	1	1	3														1	1		
AMLGNVLHLSPMVLATTTTTKPSLLNQSKCTK	1	AT3G22690.2	S10(Phospho); C30(Carbamidom		3535.81142	S(10): 90.8; T(16): 2.4; T(17): 5.		0.049	0.7955									Medium			1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G22690.2	INVOLVED IN: photosystem I		1	1																		1	1		
NFKLPRIVITSK	1	AT1G61460.1	T10(Phospho); S11(Phospho)		1575.81626	T(10): 100.0; S(11): 100.0		0.049	0.8627										Medium		2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G61460.1	S-locus protein kinase, putati		1	1																				1	1
EAYQLMNMMPRDFNKAGAWSSLLGASR	1	AT3G57430.1	S21(Phospho)		3124.41721	Y(3): 0.0; S(20): 33.3; S(21): 33.		0.049	0.8579										Medium		2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT3G57430.1	Tetratricopeptide repeat (TPR		1	1																				1	1
LASRGGDVLPCFGNGAGLPWLATNDYVR	1	AT2G45540.1	S3(Phospho); C11(Carbamidomet		3136.39736	S(3): 100.0; T(23): 50.0; Y(26):		0.049	0.8623										Medium		1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G45540.1	WD-40 repeat family protein		13	65	1	1				2	5	1	3	7	21	6	13	2	8	1	4	3	5	3	5
DMGETFSIVPTSAISGEGVPDLLLWLVQWAQK	1	AT1G76820.1	T5(Phospho)		3567.75112	T(5): 16.1; S(7): 16.1; T(11): 51.		0.049	0.8651										Medium		0					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G76820.1	eukaryotic translation initiatio		1	1																				1	1
VDFAESDIVSNLMEHYVIGSGGSGKVYKIFVESSGQCVAVK	1	AT5G25930.1	S20(Phospho); Y27(Phospho); C		4566.09975	S(6): 0.1; S(10): 0.1; Y(16): 4.3;		0.049	0.8643										Medium		2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT5G25930.1	Protein kinase family protein		1	3														1	2					1	1
AEVLINFSSDNYVLPPFIGKMSRLR	1	AT1G33560.1	S10(Phospho)		3059.57993	S(9): 1.0; S(10): 49.5; Y(13): 49.		0.049	0.8618										Medium		2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G33560.1	Disease resistance protein (O		1	1																				1	1
LAALDYTVCLHSEVFVSTQGGNFPHFLIGHR	1	AT1G35510.1	C9(Carbamidomethyl); S17(Phosp		3565.71149	Y(6): 0.6; T(7): 1.5; S(12): 13.1;		0.049	0.8629										Medium		0					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G35510.1	O-fucosyltransferase family pr		1	1																				1	1
IRQLLDIASENSLVLLDEICSGTDPSEGVALATSILQYIKNR	1	AT1G65070.1	C20(Carbamidomethyl); S21(Pho		4775.34010	S(9): 0.6; S(12): 0.6; S(21): 43.7		0.049	0.8651										Medium		2					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT1G65070.1	DNA mismatch repair protein		1	1																				1	1
IMAILPENSSNLDLTISVPGFSSSPLSDEGSGGGRDQLR	1	AT2G01430.1	S9(Phospho); S10(Phospho); T1		4336.87465	S(9): 89.7; S(10): 89.7; T(15): 9		0.049	0.8645										Medium		1					
	Accession	Description	Σ # Unique Peptides		Σ # PSMs	# Peptides A2		# PSM A2	# Peptides B2	# PSM B2	# Peptides C2	# PSM C2	# Peptides D2	# PSM D2	# Peptides E2	# PSM E2	# Peptides F2	# PSM F2	# Peptides G2	# PSM G2	# Peptides H2	# PSM H2	# Peptides I2	# PSM I2	# Peptides J2	# PSM J2
	AT2G01430.1	homeobox-leucine zipper prot		1	1																				1	1

Tabelle B20-a

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	ein Group Acces	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (Col-0 DD)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Kontrolle)	IonScore B2	Exp Value B2	# Missed Cleavages		
INPLNPVFNPVNSAFSPR	12	2	1	AT1G28280.2	S16(Phospho)	2063.00859	S(13): 0.0; S(16): 100.0	0	1.299E-08	High	75	6.73746E-07				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	31.69	2	4	4	51	884.30	31.69	4	51					243	199.0	6.16
MFVKSPLNKK	11	1	1	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1271.65839	S(5): 100.0	0.001	0.01142	Medium	27	0.026886787				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	10.56	1	15	15	444	4435.40	10.56	15	222	5140.89	9.57	12	222	1819	199.0	6.16
TVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	10	1	1	AT4G28080.1	S14(Phospho)	2684.15036	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(14): 48.7; S(15): 48.7; S(18): 1.3; S(19): 1.3	0	0.00003574	High	30	0.019377655				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	10.56	1	15	15	444	4435.40	10.56	15	222	5140.89	9.57	12	222	1819	41.7	6.54
FTDSALASAVFSPTHK	7	1	1	AT2G41900.1	S12(Phospho)	1758.80913	T(2): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.0; S(12): 100.0; T(14): 0.0	0	0.00004302	High	53	9.95827E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	7.68	1	3	3	10	99.63	3.91	2	9	19.84	3.77	1	1	716	72.5	5.26
KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSRSPVYSER	7	2	1	AT2G43160.4	S3(Phospho); S22(Phosp	3289.40329	S(3): 100.0; S(12): 0.0; Y(13): 0.0; S(18): 0.2; S(20): 16.8; S(22): 78.2; Y(25): 3.8; S(26):	0	0.002198	High	41	0.001226077				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G43160.4	ENTH/VHS family protein	5.88	2	4	4	25	204.95	5.88	4	18	101.92	5.88	3	7	646	92.1	8.59
SPAPPCGGLPPPSPSGR	6	2	1	AT2G31370.5	C6(Carbamidomethyl); S	1710.77129	S(1): 0.0; S(13): 89.6; S(15): 10.4	0	0.0001533	High	50	0.000186356				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G31370.5	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	17.24	2	3	3	86	1052.75	17.24	3	45	916.29	17.24	3	41	377	26.7	9.95
NYSPPSIDAVGPIPTK	5	2	1	AT1G34220.1	S3(Phospho)	1735.82585	Y(2): 10.5; S(3): 89.5; S(6): 0.0; T(15): 0.0	0	0.0000326	High	37	0.003387083				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G34220.1	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	20.80	2	7	7	39	829.05	17.41	6	26	328.93	15.87	4	13	649	49.0	5.14
RREESGAANGSPPPSGGSRPR	5	2	1	AT4G38710.1	S11(Phospho)	2202.01064	S(5): 1.2; S(11): 98.7; S(15): 0.1; S(18): 0.0	0.001	0.01667	Medium	35	0.006562483				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	9.96	2	2	2	8	114.85	9.96	2	8					452	69.6	6.67
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNRTPERPR	5	1	1	AT4G38550.1	T24(Phospho)	3352.44838	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.0; S(14): 0.9; S(15): 0.9; Y(17): 8.0; T(24): 90.2	0	0.0003895	High	16	0.495916541				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	27.94	1	9	9	179	704.85	27.94	9	101	809.89	23.69	7	78	612	77.9	6.35
TETGMDTNSPSR	5	1	1	AT5G52310.1	S9(Phospho)	1375.51787	T(1): 0.0; T(3): 0.0; T(7): 1.1; S(9): 49.4; S(11): 49.4	0	0.001151	High	32	0.004831457				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-respor	53.24	1	23	23	553	3962.63	52.25	22	271	3953.35	43.80	17	282	710	55.5	4.75
LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	5	1	1	AT4G11740.1	S5(Phospho)	2468.04936	S(5): 50.0; S(6): 50.0; S(12): 0.0	0	6.608E-11	High	96	5.40777E-09				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	21.81	1	10	10	313	1217.99	21.81	9	138	1428.23	17.91	9	175	564	84.8	9.29
SHLRPPGNISGSQSPPVESPGSYHSK	4	2	1	AT4G12780.2	S14(Phospho); S19(Phos	2862.25687	S(1): 0.0; S(10): 0.9; S(12): 0.9; S(14): 98.2; S(19): 13.9; S(22): 71.6; Y(23): 13.9; S(25):	0	0.0003567	High	41	0.002190977				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	6.82	2	1	3	52	427.97	6.82	3	32	288.67	1.57	1	20	894	76.8	9.60
FSEQNIGAPPSYEEAVSDSRSPVYSER	4	2	1	AT2G43160.4	S21(Phospho)	3081.34458	S(2): 0.0; S(11): 0.0; Y(12): 0.0; S(17): 2.3; S(19): 42.8; S(21): 42.8; Y(24): 9.7; S(25): 2.3	0.001	0.00607	High	28	0.039621702				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G43160.4	ENTH/VHS family protein	5.88	2	4	4	25	204.95	5.88	4	18	101.92	5.88	3	7	646	77.9	6.35
KPEILSPSILDFPSLVLSPVTPLIPDPFDR	4	2	1	AT1G28280.2	S8(Phospho)	3382.79587	S(6): 49.9; S(8): 49.9; S(14): 0.1; S(18): 0.0; T(21): 0.0	0	0.0002176	High	31	0.004160907				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	31.69	2	4	4	51	884.30	31.69	4	51					243	32.6	6.06
STNFTSPR	3	1	1	AT4G28080.1	S6(Phospho)	989.40837	S(1): 0.0; T(2): 0.0; T(5): 8.9; S(6): 91.1	0.001	0.01765	High	18	0.107138843				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	10.56	1	15	15	444	4435.40	10.56	15	222	5140.89	9.57	12	222	1819	82.7	4.48
TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	3	2	1	AT4G38710.1	S14(Phospho)	2649.52054	T(1): 0.0; S(14): 100.0	0	0.0002892	High	47	4.09971E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	9.96	2	2	2	8	114.85	9.96	2	8					452	19.3	8.92
KTITPPSPAVLLSLSSSAPLLLVPK	3	1	1	AT1G06680.2	T4(Phospho); S7(Phosp	2769.42949	T(2): 10.5; T(4): 40.9; S(7): 40.9; S(13): 40.9; S(15): 55.6; S(16): 55.6; S(17): 55.6	0.013	0.2996	Medium	13	0.592795436				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G06680.2	photosystem II subunit P-1	11.42	1	1	1	3	0.00	11.42	1	3					219	155.3	7.30
NSSPPSPFHPAAYK	3	1	1	AT4G38550.1	S2(Phospho); S6(Phosp	1659.66142	S(2): 12.9; S(3): 87.1; S(6): 100.0; Y(13): 0.0	0.003	0.04534	High	30	0.01235389				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	27.94	1	9	9	179	704.85	27.94	9	101	809.89	23.69	7	78	612	49.0	5.14
NVVEPISPMSAR	2	1	1	AT2G41900.1	S7(Phospho)	1379.63896	S(7): 50.0; S(10): 50.0	0.006	0.1059	High	25	0.050909402				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	7.68	1	3	3	10	99.63	3.91	2	9	19.84	3.77	1	1	716	72.1	6.46
KADVLSEDSPGEGRK	2	1	1	AT3G54760.2	S9(Phospho)	1667.76139	S(6): 0.0; S(9): 100.0	0.021	0.473	Medium	15	0.581388218				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-related	19.71	2	7	7	90	1378.55	14.72	5	38	2198.40	17.74	6	52	761	77.8	4.54
ILVWADHIELSPHSLAWDYDVVITTFSR	2	1	1	AT3G54460.1	S14(Phospho); Y19(Phos	3443.61733	S(11): 81.1; S(14): 20.2; Y(19): 98.6; T(24): 0.1; T(25): 0.1; S(27): 0.1	0.017	0.4	Medium	10	2.156664998				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G54460.1	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing prote	2.03	1	1	1	2	0.00	2.03	1	2					1378	159.9	5.48
DTVENFNPYAEGGAGTGTGWVFTPLSK	2	1	1	AT5G24300.1	Y9(Phospho); T16(Phosp	2975.24599	T(2): 0.0; Y(9): 3.9; T(16): 19.6; T(18): 80.3; T(23): 82.0; S(26): 14.3	0.03	0.6211	Medium	13	1.131600973				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G24300.1	Glycogen/starch synthases, ADP-glucose type	17.48	1	6	6	102	701.19	17.48	6	45	977.93	13.34	5	57	652	58.2	7.93
NVQYLNLSPNTLEVLSK	2	1	1	AT1G52650.1	S8(Phospho); S16(Phosp	2091.97885	Y(4): 0.4; S(8): 97.1; T(11): 2.4; S(16): 100.0	0.027	0.5808	Medium	15	0.736386909				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G52650.1	F-box/RNI-like superfamily protein	3.35	1	1	1	2	0.00	3.35	1	2					507	98.9	7.06
GSFSPQEEDLIFHLHSILGNRWSQIATR	2	1	1	AT3G08500.1	S4(Phospho)	3318.59543	S(2): 21.4; S(4): 78.6; S(16): 0.0; S(23): 0.0; T(27): 0.0	0.04	0.7609	Medium	20	0.181633544				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G08500.1	myb domain protein 83	8.16	1	1	1	2	20.44	8.16	1	2					343	187.0	8.50
SNPSSPPHLAEGR	2	1	1	AT2G20950.1	S5(Phospho)	1428.62285	S(1): 0.0; S(4): 9.5; S(5): 90.5	0.001	0.005551	High	14	0.607907672				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	7.12	1	3	3	43	173.21	7.12	3	23	114.87	2.31	1	20	520	69.5	5.31
LSYPTSPALPKPR	2	1	1	AT5G03040.1	S6(Phospho)	1506.76775	S(2): 0.3; Y(3): 1.4; T(5): 49.2; S(6): 49.2	0.025	0.5388	Medium	10	1.394828205				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G03040.1	IQ-domain 2	7.16	1	2	2	5	15.32	7.16	2	3	116.20	4.34	1	2	461	54.1	8.56
YGDRSSPGGRSPGFETGSR	2	1	1	AT4G13350.1	S5(Phospho); S11(Phosp	2129.83921	Y(1): 89.6; S(5): 5.3; S(6): 5.3; S(11): 99.2; T(16): 0.5; S(18): 0.2	0.024	0.5205	Medium	15	0.533886478				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	10.63	1	5	5	97	315.19	10.63	5	58	289.78	9.97	4	39	602	23.7	8.02
ASVNSPTASQMDELDDFSIGR	2	2	1	AT4G12770.2;AT	S5(Phospho)	2319.97612	S(2): 2.1; S(5): 95.5; T(7): 2.1; S(9): 0.3; S(18): 0.0	0	0.0001336	High	55	5.13083E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	6.82	2	1	3	52	427.97	6.82	3	32	288.67	1.57	1	20	894	32.6	5.57
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	6.30	2	1	3	64	404.67	6.30	3	31	288.60	3.94	2	33	889		
TSDQRSNHGKEQIEDFYEQDDDVTPR	2	1	1	AT4G38550.1	T1(Phospho); T24(Phosp	3269.32541	T(1): 32.8; S(2): 32.8; S(6): 32.8; Y(17): 1.7; T(24): 99.9	0.009	0.1911	High	19	0.269996987				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	27.94	1	9	9	179	704.85	27.94	9	101	809.89	23.69	7	78	612	47.6	5.01
SNQKPVGHNPGVIGTPTK	1	2	1	AT3G13990.2	T15(Phospho)	1910.94815	S(1): 0.0; T(15): 50.0; T(17): 50.0	0.007	0.128	High	19	0.264259127				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G13990.2	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	6.97	2	3	3	6	51.38	6.97	3	5	0.00	1.77	1	1	847		
LENSVQQGSSPR	1	2	1	AT2G15860.1	S10(Phospho)	1381.60637	S(4): 0.0; S(9): 50.0; S(10): 50.0	0.041	0.7653	Medium	12	0.721237739				0	116.4	5.68
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G15860.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; IN	2.34	2	1	1	1	0.00	2.34	1	1					512		
SAHQEDAFSLETRPRTPERR	1	1	1	AT2G20960.1	T16(Phospho)	2463.14638	S(1): 0.0; S(9): 0.1; T(12): 17.3; T(16): 82.6	0.016	0.3588	Medium	12	1.544143959				2	88.3	6.44
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	27.27	1	12	12	167	631.62	27.27	12	91	424.29	24.73	11	76	748		
ITPSLAYLEQIR	1	1	1	AT1G50920.1	T2(Phospho)	1483.75431	T(2): 46.8; S(4): 46.8; Y(7): 6.5	0.001	0.01547	High	11	1.496222256				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G50920.1	Nucleolar GTP-binding protein	1.79	1	1	1	1	0.00	1.79	1	1					671		
NKPKSPVVVTK	1	1	1	AT3G55560.1	S5(Phospho)	1276.69947	S(5): 86.1; T(10): 13.9	0.027	0.5846	Medium	11	0.947160887				1	38.4	6.18
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI

| | | |

Tabelle B20-b

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	ein Group Accessi	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (Col-0 DD)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Kontrolle)	IonScore B2	Exp Value B2	# Missed Cleavages		
SEVSPERETELDSVEEEVDSK	9	1	1	AT1G65010.1	S4(Phospho)	2473.04972	S(1): 0.1; S(4): 99.8; T(9): 0.0; S(13): 0.0; S(20): 0.0	0	0.001589	High	82	1.1183E-07				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	7.41	2	1	1	8		520.21	7.41	1	8					243	26.7	9.95
INPLNPVFNPVNSAFSPR	8	2	1	AT1G28280.2	S16(Phospho)	2063.01128	S(13): 0.0; S(16): 100.0	0	0.000000776	High	93	9.27417E-09				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G31900.1	myosin-like protein XIF	1.48	1	1	1	1		0.00	1.48	1	1					1556	176.9	8.13
EVISDPSTPKPNTEPFAHYPQGK	6	1	1	AT2G38280.1	T8(Phospho)	2619.22409	S(4): 0.0; S(7): 3.2; T(8): 96.1; T(13): 0.7; Y(19): 0.0	0.001	0.04611	High	20	0.230862277				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G08920.1	cryptochrome 1	7.64	1	2	2	10		352.05	7.64	2	6	301.40	3.82	1	4	681	76.6	5.38
GKPGQSPGPVSEENQKDDEILSPAHLTGESSSDKENK	6	1	1	AT4G28080.1	S22(Phospho)	3971.81623	S(6): 0.0; S(11): 0.0; S(22): 99.8; T(27): 0.2; S(30): 0.0; S(31): 0.0; S(32): 0.0	0	0.02953	High	49	0.000235611				2		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G21160.1	LA RNA-binding protein	3.27	3	1	1	1		0.00	3.27	1	1					826	91.3	7.90
DLPVQNLSELIQSHQSPNQVEETSFEFNK	5	1	1	AT5G40450.1	S16(Phospho)	3437.58396	S(8): 0.0; S(13): 15.3; S(16): 84.0; T(23): 0.6; S(24): 0.1	0	0.00006613	High	54	0.000106259				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; IN	17.24	1	22	22	295		3108.87	17.24	22	156	2941.44	10.66	15	139	2889	322.8	4.30
AESVYIEKNEESVLLFPELILSPQERPPSR	2	1	1	AT2G20960.1	S22(Phospho)	3549.78513	S(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(12): 0.0; S(22): 98.0; S(29): 2.0	0.004	0.1964	High	38	0.002583817				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	7.75	1	3	3	36		325.17	7.75	3	21	239.82	6.68	2	15	748	84.8	9.29
ISGRPLYLDMQATTPIDPR	2	1	1	AT5G65720.1	T14(Phospho)	2224.08286	S(2): 0.1; Y(7): 0.9; T(13): 49.5; T(14): 49.5	0.02	0.4598	Medium	14	0.739035312				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G29760.1	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	7.96	1	1	1	1		0.00	7.96	1	1					465	51.4	4.72
SPEHALFTKPVYDQTEQLPPAPWETQEPR	2	1	1	AT1G21380.1	S1(Phospho)	3471.61008	S(1): 99.5; T(8): 0.3; Y(12): 0.3; T(15): 0.0; T(25): 0.0	0	0.0004635	High	28	0.032447595				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G65720.1	nitrogen fixation S (NIFS)-like 1	4.19	1	1	1	2		0.00	4.19	1	2					453	50.3	6.99
RVIVTPDGNITKPLDPESAASNR	1	1	1	AT2G31900.1	T5(Phospho); S21(Phospho)	2610.22831	T(5): 32.0; T(11): 61.8; S(18): 53.1; S(21): 53.1	0.038	0.6099	Medium	10	2.323866855				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G14630.1	cytochrome P450, family 72, subfamily A, polypeptide 9	7.28	4	2	2	4		29.66	7.28	2	4					508	58.4	9.03
AWSPGWSNGDKALTTFINGPLLEYSK	1	1	1	AT4G08920.1	S7(Phospho); S25(Phospho)	3012.34926	S(3): 50.0; S(7): 50.0; T(14): 75.3; T(15): 20.8; Y(24): 1.9; S(25): 1.9	0.044	0.6493	Medium	11	2.010309789				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G65010.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	1.56	1	1	1	18		235.79	1.56	1	15	0.00	1.56	1	3	1345	152.6	4.94
NVEDLSNDFSNTFLLDEELDLEHRSPR	1	3	1	AT5G21160.1	S25(Phospho)	3284.48252	S(6): 0.0; S(10): 0.0; T(12): 0.0; S(25): 100.0	0.005	0.2369	High	17	0.494330085				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G38280.1	AMP deaminase, putative / myoadenylate deaminase, putative	7.39	1	4	4	28		175.07	5.48	3	19	183.43	4.53	2	9	839	95.1	6.33
LPWKMGDYNETNTVLLDDSPYKALLNPQYSLIHTIIR	1	1	1	AT3G29760.1	T11(Phospho); S19(Phospho); S	4652.10385	Y(8): 51.0; T(11): 51.0; T(13): 51.0; S(19): 54.0; Y(21): 49.8; Y(29): 47.7; S(30): 47.7; T(34): 47.7	0.022	0.4781	Medium	12	1.533031206				2		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G40450.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; IN	17.24	1	22	22	295		3108.87	17.24	22	156	2941.44	10.66	15	139	2889	322.8	4.30
MALALILQRFSFELSPSYVHSPYR	1	1	1	AT3G14630.1	S11(Phospho); S21(Phospho)	2985.39365	S(11): 1.9; S(15): 94.6; S(17): 5.2; Y(18): 6.3; S(21): 19.2; Y(23): 72.8	0.047	0.6707	Medium	16	0.569388372				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	9.73	1	6	6	35		197.26	8.52	5	14	222.54	4.56	3	21	1819	199.0	6.16
SVIDPTPLQKPTLESPSEVLEESSK	1	1	1	AT5G40450.1	S15(Phospho)	2790.36911	S(1): 0.0; T(6): 0.0; T(12): 0.0; S(15): 99.4; S(17): 0.6; S(23): 0.0; S(24): 0.0	0	0.02578	High	31	0.015622291				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G41740.1	villin 2	4.41	1	1	2	2		0.00	2.56	1	1	28.95	1.84	1	1	976	107.8	5.29
AAAVAALSQVLVAENKKSPDTSPTR	1	1	1	AT2G41740.1	S22(Phospho); T24(Phospho)	2684.28843	S(8): 0.3; S(18): 90.7; T(21): 5.7; S(22): 9.0; T(24): 94.3	0.005	0.2335	High	16	0.550338844				2		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G17330.1	G2484-1 protein	1.96	1	2	2	2		19.75	1.28	1	1	0.00	0.69	1	1	2037	217.9	5.29
TDDGQEQVLVKDDSPTAVEEASVEEK	1	1	1	AT4G17330.1	S14(Phospho)	2898.28012	T(1): 0.0; S(14): 94.3; T(16): 5.7; S(22): 0.0	0	0.00532	High	20	0.264283804				1		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	3.43	1	1	1	1		0.00	3.43	1	1					846	95.1	6.44
VPSPSSLSPLPAFSMVKPMNMTDILDASK	1	1	1	AT1G15130.1	S3(Phospho); S28(Phospho)	3220.47890	S(3): 55.1; S(5): 20.4; S(6): 20.4; S(8): 3.4; S(14): 0.9; T(22): 6.1; S(28): 93.5	0.024	0.4945	Medium	13	1.302972072				0		
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs		Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G21380.1	Target of Myb protein 1	20.75	1	4	4	32		424.55	20.75	4	17	462.35	15.02	3	15	506	55.8	5.01

Tabelle B20-c

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (Col-0 DD)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Kontrolle)	IonScore B2	Exp Value B2	# Missed Cleavages		
SYKPPVPGRSDSPK	18	1	1	AT1G37130.1	S12(Phospho)	1594.76042	S(1): 0.0; Y(2): 0.0; S(10): 0.1; S(12): 99.9	0	0.000152	High	44	0.000596854				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	14.62	1	21	21	289	2056.36	11.93	13	125	3318.46	11.60	17	164	1819	199.0	6.16
GFYLHPSPATTPMDPEPR	11	2	1	AT1G28280.2	S7(Phospho)	2092.91924	Y(3): 0.0; S(7): 89.1; T(10): 9.8; T(11): 1.2	0	0.0001447	High	60	1.95973E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	35.11	1	26	26	697	5041.92	35.11	26	378	4689.96	29.44	20	319	917	102.8	6.54
LGREESPETESNKIQK	10	1	1	AT1G62300.1	S6(Phospho)	1924.89841	S(6): 100.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0	0.001	0.01771	High	30	0.020157065				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	18.52	2	3	3	29	462.64	18.52	3	27	22.51	4.53	1	2	243	26.7	9.95
DLSMNKFDWDHPLHLQPMSPTTVK	6	1	1	AT3G29360.1	S19(Phospho)	2917.34658	S(3): 0.0; S(19): 99.6; T(21): 0.4; T(22): 0.0	0	0.000782	High	29	0.029858491				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G62300.1	WRKY family transcription factor	2.89	1	1	1	10	39.67	2.89	1	10					553	60.6	6.32
VEPANTVGLPVNPTPLLKDELDIVIPTIR	6	1	1	AT5G15650.1	T14(Phospho)	3203.71914	T(6): 2.4; T(14): 97.6; T(27): 0.0	0.001	0.007011	High	21	0.036821193				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	8.43	1	3	3	8	22.83	2.23	1	2	139.86	6.20	2	6	807	89.2	5.05
SVETLSPFQQKDGQK	5	1	1	AT1G07110.1	S6(Phospho)	1771.82341	S(1): 0.0; T(4): 10.9; S(6): 89.0	0	0.0001544	High	46	0.000491132				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	18.52	2	3	3	29	462.64	18.52	3	27	22.51	4.53	1	2	243	26.7	9.95
YSLVLDPNLDAGTPR	5	1	1	AT3G03570.1	T13(Phospho)	1710.80632	Y(1): 0.0; S(2): 0.0; T(13): 100.0	0	0.0001488	High	45	0.000591556				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; IN	14.29	1	2	2	21	54.62	14.29	2	9	124.21	13.10	1	12	168	18.5	8.15
TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	5	2	1	AT4G38710.1	S14(Phospho)	2649.52329	T(1): 0.0; S(14): 100.0	0	0.0009139	High	37	0.000403849				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G29360.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	12.08	3	3	3	11	29.28	12.08	3	11					480	53.1	6.00
SGSSNQSPNELAAEEK	4	2	1	AT1G28280.2	S7(Phospho)	1727.71257	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(7): 100.0	0	0.0001447	High	61	1.12297E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G33320.1	Glucose-6-phosphate/phosphate translocator-related	8.58	1	1	1	2	0.00	8.58	1	2					408	44.2	10.15
MPVKSPLNK	3	1	1	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1143.56206	S(5): 100.0	0.002	0.04497	High	30	0.014442461				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14.78	1	8	8	74	536.44	14.78	8	39	741.05	13.71	6	35	744	82.5	6.29
EKVISKDSEIIEETEEFDTESPLPK	3	1	1	AT5G55210.1	S20(Phospho)	2859.31107	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.0; T(18): 2.2; S(20): 97.8	0	0.0001674	High	40	0.002266366				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G53580.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	8.49	1	2	2	5	27.53	8.49	2	4	0.00	3.01	1	1	365	40.6	9.22
FSGSPVSTGTPKNVDSHR	2	1	1	AT2G26570.1	S4(Phospho); T10(Phospho)	2032.84641	S(2): 0.3; S(4): 34.4; S(7): 34.4; T(8): 34.4; T(10): 96.4; S(16): 0.0	0.001	0.006536	High	23	0.077136817				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARLI 4) family	22.46	1	8	8	88	336.23	22.46	8	45	507.03	18.45	7	43	748	84.8	9.29
VVVIVSSVIFFKTPVSPVNAFGTGIALAGVFLYSR	2	1	1	AT5G33320.1	S16(Phospho); S34(Phospho)	3814.99963	S(6): 1.3; S(7): 1.3; T(13): 47.3; S(16): 47.3; T(23): 4.0; Y(33): 49.3; S(34): 49.	0.01	0.2386	Medium	13	0.274634678				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	6.56	2	2	3	16	83.24	6.56	3	11	56.87	4.33	2	5	716	77.9	6.35
LISYSPLGLGMLTGKYSSSK	2	1	1	AT5G53580.1	S3(Phospho); S5(Phospho); T13(	2421.98574	S(3): 77.6; Y(4): 29.6; S(5): 89.0; T(13): 89.4; Y(16): 24.6; S(17): 53.5; S(18): 1	0.035	0.7048	Medium	12	1.156302296				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G13510.1	ammonium transporter 1;1	3.79	1	1	1	2	35.93	3.79	1	2					501	53.5	7.42
FTDSALASAVFSPTHK	2	1	1	AT2G41900.1	S12(Phospho)	1758.80620	T(2): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.2; S(12): 96.1; T(14): 3.7	0.012	0.2816	Medium	18	0.314097481				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G11710.1	ENTH/VHS family protein	3.57	1	1	1	1	0.00	3.57	1	1					560	60.6	5.10
RVERPSPSPSGANTTPTPV	2	1	1	AT4G13510.1	S8(Phospho)	2029.97002	S(6): 50.0; S(8): 50.0; S(10): 0.1; T(14): 0.0; T(15): 0.0; T(17): 0.0	0.001	0.01653	High	36	0.005769105				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G45560.1	cytochrome P450, family 76, subfamily C, polypeptide 1	5.86	1	1	1	1	0.00	5.86	1	1					512	56.8	7.52
IVEASSGNGSPQLVPLNSVK	2	1	1	AT3G09830.1	S10(Phospho)	2076.03293	S(5): 2.1; S(6): 0.3; S(10): 97.6; S(18): 0.0	0.002	0.03517	High	11	1.319263959				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G03570.1	Protein of unknown function (DUF3550/UPF0682)	8.24	1	3	3	8	160.12	5.77	2	7	0.00	2.47	1	1	607	68.6	7.58
AESVYIEKNEESVLLFPELILSPQERPPSR	1	1	1	AT2G20960.1	S22(Phospho)	3549.78989	S(3): 0.0; Y(5): 0.0; S(12): 0.0; S(22): 100.0; S(29): 0.0	0	0.0001459	High	66	2.69095E-06				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G15650.1	reversibly glycosylated polypeptide 2	38.06	1	6	8	36	374.54	38.06	8	27	122.06	11.94	3	9	360	40.9	6.13
YGSTDHDNLSSGKKSPDSAK	1	1	1	AT5G11710.1	S15(Phospho)	2173.93796	Y(1): 0.0; S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(10): 0.0; S(11): 0.0; S(15): 99.8; S(18): 0.2	0.005	0.09299	High	13	0.959724898				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G09830.1	Protein kinase superfamily protein	4.78	1	1	1	2	0.00	4.78	1	2					418	46.8	9.48
ASINGVQDTVISVMDAAGTPDAANYFPFLR	1	1	1	AT2G45560.1	S2(Phospho); T19(Phospho); Y2	3380.45376	S(2): 99.4; T(9): 95.5; S(12): 94.6; T(19): 6.2; Y(25): 4.3	0.032	0.6695	Medium	12	1.426966486				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	9.96	2	2	2	21	97.29	5.31	1	5	124.09	4.65	1	16	452	49.0	5.14
DKDGNTQILGSPTERAILEFGLLLGGDFNTQR	1	1	1	AT2G41560.1	S11(Phospho); T30(Phospho)	3635.70993	T(6): 9.4; S(11): 66.5; T(13): 24.2; T(30): 99.9	0.047	0.8456	Medium	12	1.174681302				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41560.1	autoinhibited Ca(2+)-ATPase, isoform 4	3.11	1	1	1	1	0.00	3.11	1	1					1030	112.7	6.07
KESGSTDGDSPTEKDAGDSNSGLSPKPK	1	1	1	AT4G28080.1	S24(Phospho)	2871.24721	S(3): 0.0; S(5): 0.0; T(6): 0.0; S(10): 0.0; T(12): 0.0; S(19): 0.0; S(21): 0.5; S(24	0	0.00002901	High	32	0.015121815				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	14.62	1	21	21	289	2056.36	11.93	13	125	3318.46	11.60	17	164	1819	199.0	6.16
RPNPINSSRRPEIFSSGGSSTQLPESPRGPMEFLSR	1	1	1	AT3G63300.1	S7(Phospho); S8(Phospho); S26(	4290.84130	S(7): 99.6; S(8): 99.6; S(15): 0.3; S(16): 0.3; S(19): 0.3; S(20): 0.4; T(21): 0.4;	0.037	0.7333	Medium	12	1.176286044				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G63300.1	FORKED 1	13.45	2	2	2	2	0.00	7.23	1	1	0.00	6.22	1	1	498	53.3	9.17
APPISPPRTPPSSPPR	1	1	1	AT4G22505.1	S5(Phospho); S13(Phospho)	1813.84487	S(5): 93.6; T(9): 6.3; S(12): 2.1; S(13): 97.9	0.036	0.7295	Medium	11	1.335646194				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G22505.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin	3.02	1	1	1	1	0.00	3.02	1	1					530	55.2	12.40
LDAARPTTPRPPSPLADAPR	1	1	1	AT2G43680.2	S13(Phospho)	2179.09829	T(7): 71.6; T(8): 21.4; S(13): 7.1	0.048	0.8489	Medium	13	0.845804212				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G43680.2	IQ-domain 14	2.99	1	1	1	1	0.00	2.99	1	1					668	74.2	11.33
ILQLNGRDSPSSISPTVIGGGLHVAHGSK	1	1	1	AT5G41330.1	S14(Phospho); S28(Phospho)	3057.47953	S(9): 8.1; S(11): 65.5; S(12): 3.3; S(14): 22.2; T(16): 1.9; S(28): 99.1	0.047	0.842	Medium	17	0.385091926				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G41330.1	BTB/POZ domain with WD40/YVTN repeat-like protein	15.28	1	3	3	5	0.00	6.33	1	1	0.00	8.95	2	4	458	50.4	6.38

Tabelle B20-d

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Main Group Access	Modifications	MHH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (Col-0 DD)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Kontrolle)	IonScore B2	Exp Value B2	# Missed Cleavages		
HPSIVVTPADSDPLFAPPSYYSESRSPR	30	1	1	AT5G07120.1	S24(Phospho)	3152.46494	S(3): 0.0; T(7): 0.0; S(11): 0.0; S(19): 1.6; Y(20): 1.6; Y(21): 1.6; S(22): 1.6; S(24): 46.9; S(	0	0.00001947	High	59	1.96943E-05				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	6.29	1	4	4	23	125.19	6.29	4	20	44.01	1.07	1	3	843	93.8	5.31
LLPLFPVTSPR	26	2	1	AT1G28280.1	S9(Phospho)	1319.71404	T(8): 8.6; S(9): 91.4	0.001	0.01246	High	35	0.00403533				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thaliana protein match is: unl	2.67	1	1	1	2	0.00	2.67	1	2					337	37.2	5.01
SYKPPVPGRSDSPK	24	1	1	AT1G37130.1	S12(Phospho)	1594.76116	S(1): 0.0; Y(2): 0.0; S(10): 8.8; S(12): 91.2	0	0.0005706	High	42	0.000856777				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	16.33	1	21	21	265	3847.18	16.33	21	201	1599.83	10.12	11	64	1819	199.0	6.16
NSSPPSPLHPAASHSPPPPQPYR	24	1	1	AT4G38550.1	S6(Phospho)	2498.15146	S(2): 0.1; S(3): 0.1; S(6): 99.8; S(13): 0.0; S(15): 0.0; Y(22): 0.0	0	0.0004395	High	31	0.0153E+26				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	29.55	2	5	5	59	1135.27	29.55	5	59					247	26.8	9.79
KIEPSSNVDSLPVSPSLALYSGGDYFAR	20	1	1	AT2G20960.1	S14(Phospho)	3049.45676	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(10): 0.0; S(14): 100.0; S(16): 0.0; Y(20): 0.0; S(21): 0.0; Y(25): 0.0	0	8.713E-09	High	75	6.75233E-07				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14.78	1	8	8	92	1545.78	14.25	7	66	601.21	11.16	5	26	744	82.5	6.29
VPSSTPLIKSPVATTQQLPK	19	3	1	AT1G79280.1	S10(Phospho)	2172.16349	S(3): 0.0; S(4): 0.0; T(5): 0.0; S(10): 100.0; T(14): 0.0; T(15): 0.0	0	0.0008127	High	43	0.000542001				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G03040.1	RQ-domain 2	14.97	1	4	4	16	76.21	14.10	3	14	24.39	5.21	1	2	461	50.4	10.64
SSEAEDDKPDEHVDSSTSPMLSEKNDNETQTSK	19	1	1	AT5G40450.1	S18(Phospho)	3717.51406	S(1): 0.0; S(2): 0.0; S(15): 0.4; S(16): 2.4; T(17): 13.9; S(18): 82.8; S(22): 0.4; T(29): 0.0; T	0	0.00001045	High	71	1.64029E-06				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
NSSPPSPFHPAAYK	17	1	1	AT4G38550.1	S6(Phospho)	1579.69292	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(6): 100.0; Y(13): 0.0	0	0.002394	High	67	3.11365E-06				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G20760.1	Calcium-binding EF hand family protein	5.00	1	4	4	46	290.14	5.00	4	38	68.30	3.63	3	8	1019	109.8	5.12
GPYLHPSPATTPMDPEPR	17	2	1	AT1G28280.1	S7(Phospho)	2092.91855	Y(3): 0.0; S(7): 91.4; T(10): 8.6; T(11): 0.0	0	0.00001549	High	53	0.000112866				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	25.74	1	21	21	708	7279.07	25.74	21	529	2025.61	22.36	15	179	917	102.8	6.54
NSSPPSPLHPAASHSPPPPQPYR	17	1	1	AT4G38550.1	S6(Phospho); S15(Phospho)	2578.12314	S(2): 0.0; S(3): 0.1; S(6): 99.9; S(13): 0.6; S(15): 99.4; Y(22): 0.0	0	0.0003922	High	29	0.024553085				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G54760.2	dentin sialophosphoprotein-related	14.72	2	5	5	36	737.03	14.72	5	32	70.19	6.96	2	4	761	82.7	4.48
FENVFSSSSSPTK	16	4	2	AT4G12770.2;AT	S11(Phospho)	1609.71526	S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 0.1; S(10): 8.1; S(11): 91.7; T(13): 0.1	0	0.0001608	High	62	1.04754E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	6.75	2	2	3	29	125.46	6.75	3	23	0.00	2.36	1	6	889	98.1	6.77
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	4.47	1	2	2	24	182.08	4.47	2	24					894	98.9	7.06
TVDGETENLPNGDSSPKSSVAADGEK	16	1	1	AT4G28080.1	S15(Phospho)	2684.15165	T(1): 0.0; T(6): 0.0; S(14): 0.2; S(15): 99.7; S(18): 0.0; S(19): 0.0	0	7.059E-07	High	62	1.10918E-05				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
MPVSPLNKK	15	1	1	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1271.65857	S(5): 100.0	0	0.001492	High	33	0.006605095				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G31370.5	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein	9.28	2	2	2	43	716.25	9.28	2	33	184.31	9.28	2	10	377	41.7	6.54
EVQVVDKPVIEERPAPAYHDKPVQSLVTGGSPR	15	1	1	AT3G49800.1	S31(Phospho)	3707.87002	Y(18): 0.0; S(25): 1.4; T(28): 13.1; S(30): 42.7; S(31): 42.7	0	0.0008823	High	27	0.018357419				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	29.55	2	5	5	59	1135.27	29.55	5	59					247	26.8	9.79
SPAPPCGGLPPPSPSGR	14	2	1	AT2G31370.5	C4(Carbamidomethyl); S13(Phospho)	1710.76164	S(1): 0.0; S(13): 99.8; S(15): 0.2	0	0.0002584	High	55	6.02177E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	15.64	3	6	6	26	371.37	15.64	6	25	30.21	2.65	1	1	716	77.9	6.35
GTSPQPRPQQEPAPSNPVR	13	1	1	AT3G45780.1	T2(Phospho)	2123.00479	T(2): 50.0; S(3): 50.0; S(15): 0.0	0	0.0003274	High	33	0.009850345				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G56860.3	UBP1-associated protein 2A	2.93	1	1	1	3	97.84	2.93	1	3					478	51.4	5.16
VHLSESPKAASSTQEAER	12	1	1	AT4G17720.1	S6(Phospho)	2006.91684	S(4): 1.1; S(6): 98.9; S(11): 0.0; S(12): 0.0; T(13): 0.0	0	0.0003584	High	43	0.001088722				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	16.33	1	21	21	265	3847.18	16.33	21	201	1599.83	10.12	11	64	1819	199.0	6.16
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNRTPERPR	12	1	1	AT4G38550.1	S15(Phospho); Y17(Phospho)	3432.40932	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.1; S(14): 49.3; S(15): 49.3; Y(17): 17.3; T(24): 83.9	0	0.00000472	High	35	0.006523085				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G67580.1	Protein kinase superfamily protein	2.93	11	1	2	15	105.53	2.93	2	10	72.50	1.06	1	5	752	85.2	6.55
AASGSLAPPNADRSRSGSPEEEHASINPAER	12	1	1	AT4G11740.1	S14(Phospho); S18(Phospho)	3320.42612	S(3): 0.0; S(5): 0.0; S(14): 96.6; S(16): 51.0; S(18): 51.2; S(25): 1.2	0	0.002521	High	22	0.144970242				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G35890.1	winged-helix DNA-binding transcription factor family protein	3.44	1	1	1	7	82.15	3.44	1	7					523	55.8	9.74
LGRESPETESNKIQK	11	1	1	AT1G62300.1	S6(Phospho)	1924.90006	S(6): 100.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0	0	0.0004224	High	39	0.002853631				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G62300.1	WRKY family transcription factor	2.89	1	1	1	11	129.46	2.89	1	11					553	60.6	6.32
SPEKEEVQPETLATPTQSPSR	11	3	1	AT1G79280.1	S20(Phospho)	2391.10526	S(1): 0.0; T(11): 0.0; T(14): 0.0; T(16): 0.1; S(18): 50.0; S(20): 50.0	0	0.00004637	High	33	0.01202308				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G17720.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	6.71	2	2	2	57	663.54	6.71	2	42	275.39	6.71	1	15	313	33.5	6.10
TPGVPGDETTEKLPDESGVEPTENSPKASGIEPTESSPK	11	3	1	AT1G30470.3	S25(Phospho)	4073.84292	T(1): 0.0; T(9): 0.0; T(10): 0.0; S(17): 0.0; T(22): 0.4; S(25): 99.4; S(29): 0.1; T(34): 0.1; S(	0	0.0004398	High	63	1.14534E-05				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	11.65	1	4	4	23	155.00	11.65	4	17	88.97	3.97	1	6	807	89.2	5.05
ATPNQEAIDTFISITGASDAVALQK	11	1	1	AT4G11740.1	T2(Phospho)	2641.28391	T(2): 100.0; T(10): 0.0; S(13): 0.0; T(15): 0.0; S(18): 0.0	0	0.0003872	High	24	0.007681857				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	29.55	2	5	5	59	1135.27	29.55	5	59					247	26.8	9.79
SVETLSPFQQKDGQK	11	1	1	AT1G07110.1	S6(Phospho)	1771.82817	S(1): 5.8; T(4): 47.1; S(6): 47.1	0	0.0003872	High	59	2.02495E-05				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.1	VQ motif-containing protein	29.55	2	5	5	59	1135.27	29.55	5	59					247	26.8	9.79
FGNSPPRPSDASAR	10	1	1	AT1G20760.1	S4(Phospho)	1588.68767	S(4): 0.5; S(9): 14.3; S(12): 85.2	0	0.002066	High	25	0.040328355				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G45780.1	phototropin 1	7.03	1	5	5	64	621.74	7.03	5	43	492.39	5.12	4	21	996	111.6	7.65
INPLNPVFNPVNSAFSPR	10	2	1	AT1G28280.1	S16(Phospho)	2063.01030	S(13): 0.0; S(16): 100.0	0	6.392E-11	High	87	3.884752E-08				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G79280.1	nuclear pore anchor	6.55	3	6	6	85	946.99	6.55	6	64	667.79	2.87	3	21	2093	236.9	5.06
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNR	10	1	1	AT4G38550.1	S15(Phospho)	2616.04776	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.0; S(14): 9.6; S(15): 80.9; Y(17): 9.6	0	1.193E-07	High	47	0.000393526				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G06580.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	3.80	1	1	1	1	0.00	3.80	1	1					500	56.1	8.88
FTDSALASAVFSPTHK	9	1	1	AT2G41900.1	S12(Phospho)	1758.81011	T(2): 0.0; S(4): 0.0; S(8): 0.0; S(12): 100.0; T(14): 0.0	0	3.863E-08	High	73	9.73003E-07				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G22380.1	time for coffee	1.35	1	1	1	7	52.48	1.35	1	7					1550	164.4	9.69
KFSEQNIGAPPSYEEAVSDSRSPVYSER	9	2	1	AT2G43160.4	S3(Phospho); S22(Phospho)	3289.49549	S(3): 99.9; S(12): 0.1; Y(13): 0.0; S(18): 4.3; S(20): 17.8; S(22): 76.5; Y(25): 1.1; S(26): 0.3	0	0.002238	High	30	0.019813917				2		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G79280.1	nuclear pore anchor	6.55	3	6	6	85	946.99	6.55	6	64	667.79	2.87	3	21	2093	236.9	5.06
LSYPTSPALPKPR	8	1	1	AT5G03040.1	S6(Phospho)	1506.77080	S(2): 0.0; Y(3): 0.2; T(5): 49.9; S(6): 49.9	0.001	0.008167	High	29	0.01935974				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
NSSPPSPFHPAAYK	8	1	1	AT4G38550.1	S2(Phospho); S6(Phospho)	1659.66265	S(2): 50.0; S(3): 50.0; S(6): 100.0; Y(13): 0.0	0	0.00459	High	43	0.000616724				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
ALEESESTLKANDTDSPR	8	1	1	AT2G26570.1	S16(Phospho)	2042.89121	S(5): 0.0; S(7): 0.0; T(8): 0.0; T(14): 0.1; S(16): 99.9	0	0.0003802	High	51	0.000172489				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
TLPVAVVEVKKPESPVLVIVEKPK	8	2	1	AT4G38710.1	S14(Phospho)	2649.52365	T(1): 0.0; S(14): 100.0	0	0.000000991	High	59	1.71412E-06				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
SSSPLKHHHQVSVQPITTNPTLAK	8	1	1	AT1G76890.2	S1(Phospho)	2834.41909	S(1): 33.2; S(2): 33.2; S(3): 33.2; S(12): 0.4; T(17): 0.0; T(18): 0.0; T(21): 0.0	0	0.005104	High	29	0.018797859				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G45190.1	SIT4 phosphatase-associated family protein	9.89	1	4	4	34	114.49	9.89	4	23	50.09	4.94	1	11	789	87.6	4.55
KTSDQYPESPSENPHAPSMQNLQFDHQNSSASSSGDLTELQR	8	2	1	AT1G34220.2	S9(Phospho)	4801.06020	T(2): 0.1; S(3): 0.1; Y(6): 0.2; S(9): 2.6; S(11): 2.6; S(19): 2.6; S(30): 34.6; S(31): 34.6; S(	0	0.0003872	High	27	0.050024473				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
SVETLSPFQQK	7	1	1	AT1G07110.1	S6(Phospho)	1343.62541	S(1): 0.0; T(4): 0.0; S(6): 100.0	0	0.0003921	High	52	7.81933E-05				0		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	33.66	1	12	12	205	1694.75	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67
RISGNHGSPTASVAQSPR	7	1	1	AT4G35890.1	S16(Phospho)	1901.89652	S(3): 0.0; S(8): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(16): 100.0	0	0.0000943S	High	51	0.000144021				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G29440.2	Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	9.89	2	4	4	52	495.49	9.89	4	43	149.99	2.35	1	9	1062	116.0	6.37
AGSPRDSPEEEGPVELPEAAR	7	2	1	AT3G22380.1	S7(Phospho)	2323.01603	S(3): 0.0; S(7): 100.0	0	0.001576	High	38	0.00396928				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	17.52	1	5	5	46	510.25	17.52	5	34	429.67	6.19	3	12	565	62.4	4.75
SNHGKEQIEDFYEQDDDVTPR	7	1	1	AT4G38550.1	T19(Phospho)	2602.07297	S(1): 0.0; Y(12): 0.0; T(19): 100.0	0	5.464E-07	High	56	5.60211E-05				1		
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	9.96	2	2	2	27	398.07	9.96	2	25	0.00	4.65	1	2	452	49.0	5.14

| | | |

DLSPPSTADAVNVTATDVPVVPSSSAPGVVRR | 3 | 1 | 1 AT5G03040.1 | S3(Phospho) | 3241.61460 | S(3): 55.7; S(6): 19.2; T(7): 19.2; T(14): 2.8; T(16): 2.8; S(23): 0.0; S(24): 0.0; S(25): 0.0 | 0.024 | 0.5282 | Medium | 16 | 0.327096822 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G25690.3	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2.78	1	1	1	2	70.07	2.78	1	4	70.07	2.78	1	4	863	95.2	8.57

TTSRPISPR | 2 | 1 | 1 AT4G15545.1 | S3(Phospho) | 1094.53313 | T(1): 0.0; T(2): 0.0; S(3): 0.1; S(7): 99.8 | 0.02 | 0.4627 | Medium | 21 | 0.089417327 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G04880.1	HMG (high mobility group) box protein with ARID/BRIGHT DNA-b	7.14	1	1	1	1	0.00	7.14	1	1					448	50.0	5.59

VGVGAESPAAATDCSK | 2 | 1 | 1 AT3G54760.2 | S7(Phospho); C14(Carbamidomethyl) | 1599.67070 | S(7): 100.0; T(12): 0.0; S(15): 0.0 | 0 | 0.0008293 | High | 59 | 1.73321E-05 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	29.41	1	1	13	13	1203.02	29.41	13	131	159.12	5.35	2	32	748	84.8	9.29

TPGVPGDETTEKLPDESGVEPTENSPK | 2 | 3 | 1 AT1G30470.3 | S25(Phospho) | 2890.28647 | T(1): 0.0; T(9): 0.0; T(10): 0.0; S(17): 0.0; T(22): 0.6; S(25): 99.4 | 0 | 0.000616 | High | 34 | 0.011380655 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG47430.2	DWNN domain, a CCHC-type zinc finger	3.49	3	2	2	3	88.07	3.49	2	3					831	92.2	8.57

ILSGQAAIGSETVQTSPIENDHK | 2 | 1 | 1 AT1G60200.1 | S16(Phospho) | 2475.16751 | S(3): 0.0; S(10): 0.0; T(12): 0.1; T(15): 0.5; S(16): 99.4 | 0 | 0.0009491 | High | 32 | 0.014230208 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	8.65	4	3	3	3	55.35	8.65	3	17	29.91	2.31	1	2	520	59.5	7.74

IHHHDSSSSSSEYEKPDSPSAVK | 2 | 2 | 1 AT2G46170.2 | S19(Phospho) | 2720.13857 | S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(8): 0.0; S(9): 0.0; S(10): 0.0; S(12): 0.0; Y(14): 0.8; S(19): 95.7; S(21 | 0 | 0.0005441 | High | 23 | 0.106903091 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G42550.1	plastid movement impaired1	6.29	1	1	4	4	125.19	6.29	4	20	44.01	1.07	1	3	843	93.8	5.31

SHLRPPGNESQSPPVESPGSYHSK | 2 | 2 | 1 AT4G12780.2 | S25(Phospho) | 2782.29799 | S(1): 0.0; S(10): 6.1; S(12): 6.1; S(14): 83.1; S(19): 1.8; S(22): 0.6; Y(23): 0.6; S(25): 1.8 | 0 | 0.001491 | High | 25 | 0.076616761 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	14.78	1	1	8	8	1545.78	14.25	7	66	601.21	11.16	5	26	744	82.5	6.29

ADQRGDEDDDVSPRPPGTQPKTPEHPLR | 2 | 1 | 1 AT2G20960.1 | S12(Phospho); T18(Phospho) | 3320.43642 | S(12): 95.0; T(18): 52.5; T(22): 52.5 | 0.008 | 0.1506 | High | 14 | 0.92641959 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG64310.1	Cysticosapeptide/Phox/Bem1p family protein	6.43	1	1	2	2	495.87	6.43	1	12	131.16	3.51	1	3	513	56.4	5.94

VVVGGSELTSSPK | 2 | 1 | 1 AT4G28080.1 | S11(Phospho) | 1339.64836 | S(6): 0.0; T(9): 0.7; S(10): 49.6; S(11): 49.6 | 0 | 0.0003872 | High | 49 | 0.000205632 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G15220.1	Protein kinase superfamily protein	2.17	1	1	1	1	17.95	2.17	1	1					690	76.3	6.40

GRSPEPMER | 2 | 1 | 1 AT2G20960.1 | S3(Phospho) | 1188.48467 | S(3): 100.0 | 0.027 | 0.56 | Medium | 19 | 0.103902762 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	21.81	1	10	10	160	1162.48	21.81	10	116	318.75	8.16	5	44	564	62.3	4.67

SRSGSPEEEHASINPAER | 2 | 1 | 1 AT4G11740.1 | S3(Phospho); S5(Phospho) | 2112.83365 | S(1): 29.1; S(3): 85.4; S(5): 85.4; S(12): 0.0 | 0.005 | 0.09941 | Medium | 15 | 0.365514922 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G05900.1	neurofilament protein-related	2.82	1	1	1	1	0.00	2.82	1	1					673	73.4	4.35

RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK | 2 | 1 | 1 AT1G43690.1 | S16(Phospho); S20(Phospho) | 2636.07145 | S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 1.1; S(16): 99.0; S(20): 99.9 | 0 | 0.001335 | High | 26 | 0.046539083 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG21170.1	5'-AMP-activated protein kinase beta-2 subunit protein	6.71	2	1	4	4	38.39	6.71	1	4					283	30.7	6.10

NVVEPTSPMSAR | 2 | 1 | 1 AT2G41900.1 | S7(Phospho) | 1379.63774 | S(7): 90.3; S(10): 9.7 | 0.002 | 0.03499 | High | 32 | 0.009640689 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20950.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	8.65	4	3	3	19	55.35	8.65	3	17	29.91	2.31	1	2	520	59.5	7.74

YSLDNPSSVLSPR | 2 | 1 | 1 AT4G00752.1 | S12(Phospho) | 1628.73161 | Y(1): 0.0; S(2): 0.0; S(8): 0.0; S(9): 0.0; S(12): 100.0 | 0 | 0.0003073 | High | 37 | 0.003248564 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	29.41	1	13	13	163	1203.02	29.41	13	131	159.12	5.35	2	32	748	84.8	9.29

TSDQRSNHGKEQIEDYEQDDDVTPR | 2 | 1 | 1 AT4G38550.1 | S2(Phospho); T24(Phospho) | 3269.30214 | T(1): 41.9; S(2): 41.9; S(6): 14.8; Y(17): 2.6; T(24): 98.9 | 0.001 | 0.01585 | High | 19 | 0.254050238 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	12.02	3	1	3	25	421.31	12.02	3	16	305.56	8.01	2	9	599	65.4	5.17

GKPGQSPGPVSEENQKDDEILSPAHLTGESSSDKENK | 2 | 1 | 1 AT4G28080.1 | T27(Phospho) | 3971.81287 | S(6): 19.5; S(11): 8.8; S(22): 45.5; T(27): 8.8; S(30): 4.2; S(31): 8.8; S(32): 4.2 | 0.001 | 0.01512 | High | 32 | 0.012086519 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G19870.1	IQ-domain 32	4.66	1	2	2	9	214.39	4.66	2	9					794	86.8	5.30

SSPGGRSPGFETGSR | 2 | 1 | 1 AT4G13350.1 | S1(Phospho) | 1558.66069 | S(1): 0.4; S(2): 0.4; S(7): 99.3; T(12): 0.0; S(14): 0.0 | 0 | 0.004393 | High | 41 | 0.001024811 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G46040.1	Major facilitator superfamily protein	6.14	1	1	1	1	0.00	6.14	1	1					586	66.2	9.44

NPDGVQRDEDPVTTTPKGK | 2 | 3 | 1 ATSG47690.1 | T15(Phospho) | 2133.97574 | T(13): 10.3; T(14): 10.3; T(15): 79.4 | 0.002 | 0.03362 | High | 18 | 0.347187766 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	15.64	3	6	6	26	371.37	15.64	6	25	30.21	2.65	1	1	716	77.9	6.35

VHQVAFSPHTDAK | 2 | 1 | 1 AT2G01730.1 | S7(Phospho) | 1516.69178 | S(7): 50.0; T(10): 50.0 | 0.007 | 0.1321 | High | 14 | 0.689178465 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G00752.1	UBX domain-containing protein	2.99	1	1	1	2	54.33	2.99	1	2					469	52.1	5.48

GVPVVIWGSSRLSSMSKAEETTIPVPLSDYR | 2 | 1 | 1 AT1G75100.1 | T22(Phospho); S27(Phospho) | 3408.59438 | S(9): 16.6; S(10): 16.6; S(13): 16.6; S(14): 16.6; S(16): 16.6; T(21): 21.0; T(22): 32.9; S(27 | 0.012 | 0.2597 | Medium | 14 | 1.07145355 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT3G49590.2	Autophagy-related protein 13	2.49	2	1	1	1	50.90	2.49	1	1					603	66.5	9.06

LKPGHYWYDKVAGYWGKIGEKPSQIIPPNNRKGYTSEK | 2 | 1 | 1 AT4G34390.1 | Y14(Phospho); S27(Phospho); S31(Phospho); Y35(Phospho) | 4700.11001 | Y(6): 0.4; Y(8): 0.9; Y(14): 14.5; S(23): 87.4; S(27): 97.3; S(31): 95.4; Y(35): 29.7; S(37): 7 | 0.015 | 0.3501 | Medium | 14 | 0.792694891 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LTI78) / desiccation-resp	47.32	1	21	21	400	4362.15	47.32	21	299	1857.07	27.18	12	101	710	77.8	4.54

WVEVSSPEEISQAINDPSPVGTALCMAASIR | 2 | 2 | 1 AT5G13530.2 | S6(Phospho); C25(Carbamidomethyl) | 3392.63735 | S(5): 20.8; S(6): 72.1; S(11): 6.3; S(18): 0.1; T(22): 0.7; S(29): 0.0 | 0.014 | 0.3166 | Medium | 20 | 0.229016736 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT1G08680.3	ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA4	2.47	1	1	1	1	23.73	2.47	1	1					607	66.7	5.73

VPWTVTPDMDLLAAQTIMNKHELSHVAWVSGSIDAPR | 2 | 2 | 1 AT4G35440.1 | T6(Phospho); T16(Phospho) | 4158.97573 | T(4): 50.6; T(6): 50.6; T(16): 98.6; S(24): 0.2; S(30): 0.0; S(32): 0.0 | 0.004 | 0.06357 | High | 13 | 0.953819564 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G28290.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily	2.41	3	4	4	9	191.78	1.56	3	7	60.92	1.64	2	2	3529	384.6	4.88

SASDLLRLPSLQVVEGVASPNK | 2 | 1 | 1 AT3G04740.1 | S3(Phospho); S20(Phospho) | 2553.26674 | S(1): 48.6; S(3): 48.6; S(11): 2.8; S(20): 100.0 | 0.026 | 0.5477 | Medium | 12 | 1.260936779 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	21.81	1	10	10	160	1162.48	21.81	10	116	318.75	8.16	5	44	564	62.3	4.67

MSDSTNSVSPSSDYASISSGDQSLQR | 2 | 2 | 1 AT1G25500.1 | S2(Phospho); S4(Phospho); T5(Phospho); S7(Phospho); S9(Phospho); S11(Phospho) | 3505.83066 | S(2): 84.1; S(4): 84.1; T(5): 84.1; S(7): 84.1; S(9): 84.1; S(11): 84.1; S(12): 85.9; Y(14): 85 | 0.013 | 0.2863 | Medium | 33 | 0.004415128 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	33.66	12	12	205	1694.75	50.72	33.66	12	194	50.72	8.33	2	11	612	69.6	6.67

MGISPDVITTSALIDVYGK | 1 | 1 | 1 AT1G06580.1 | S4(Phospho); S11(Phospho) | 2185.98117 | S(4): 100.0; T(9): 3.4; S(11): 96.6; Y(17): 0.0 | 0.004 | 0.08153 | High | 14 | 0.76681979 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	21.81	1	10	10	160	1162.48	21.81	10	116	318.75	8.16	5	44	564	62.3	4.67

MFERALAVYDKDTPDR | 3 | 1 | 1 AT1G75250.2 | T13(Phospho) | 2006.90165 | Y(9): 53.8; T(13): 46.2 | 0.008 | 0.177 | High | 16 | 0.68834242 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G62050.1	homolog of yeast oxidase assembly 1 (OXA1)	7.23	1	1	1	1	30.43	7.23	1	1					429	47.8	9.51

SLSSREILTNSSPTVGSPVNNNTWSSK | 1 | 1 | 1 AT2G41900.1 | S12(Phospho) | 2997.43691 | S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.7; S(12): 2.9; S(17): 12.6; T(23): 58.4; S(2 | 0.008 | 0.1761 | High | 11 | 1.582450068 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL) family	29.41	1	13	13	163	1203.02	29.41	13	131	159.12	5.35	2	32	748	84.8	9.29

MGKPDVSSPASMAHAFTGKPSGFGVAKAIDSGHPNYK | 1 | 1 | 1 AT5G38000.1 | S7(Phospho); S8(Phospho); T17(Phospho); S33(Phospho) | 4288.84536 | S(7): 92.6; S(8): 85.0; S(11): 24.9; T(17): 88.3; S(23): 9.1; S(33): 69.4; Y(38): 30.6 | 0.008 | 0.172 | High | 23 | 0.110454656 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG40450.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; I	17.06	1	22	22	373	3886.29	17.06	22	279	1459.06	10.97	13	94	2889	322.8	4.30

MPSLSTPPSQNLAFSPAASATSSR | 1 | 1 | 1 AT4G33630.1 | S3(Phospho); S5(Phospho); T6(Phospho) | 2645.08193 | S(3): 81.3; S(5): 98.6; T(6): 98.6; S(9): 21.1; S(15): 0.1; S(19): 0.1; T(21): 0.1; S(22): 0.1; S | 0.01 | 0.2263 | Medium | 11 | 1.605330339 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	16.33	1	21	21	265	3847.18	16.33	21	201	1599.83	10.12	11	64	1819	199.0	6.16

SHLRPPGNESQSPVESSQLYHSK | 2 | 1 | 1 AT4G12770.2 | S12(Phospho) | 2701.26748 | S(1): 0.1; S(10): 0.4; S(12): 5.1; S(14): 94.4; S(18): 0.0; S(19): 0.0; Y(22): 0.0; S(24): 0.0 | 0 | 0.0004265 | High | 26 | 0.054952937 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG40450.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; I	17.06	1	22	22	373	3886.29	17.06	22	279	1459.06	10.97	13	94	2889	322.8	4.30

LFVDGLTIGKGDITPDELSAVIK | 1 | 4 | 1 AT2G21385.2 | T14(Phospho) | 2481.27793 | T(7): 21.3; T(14): 57.4; S(19): 21.3 | 0.025 | 0.5393 | Medium | 20 | 0.132580992 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G47220.1	Cyclin A3;3	3.06	1	1	4	4	26.05	3.06	1	4					327	38.1	5.17

ASSSCLKQGSVPMNNVCVTPEATYEAVVADPR | 1 | 1 | 1 AT1G04880.1 | C5(Carbamidomethyl); C17(Carbamidomethyl); T19(Phospho); T23(Phospho); Y24(I | 3677.50307 | S(2): 0.1; S(3): 0.2; S(4): 0.2; S(10): 5.4; T(19): 96.1; T(23): 98.4; Y(24): 99.6 | 0.008 | 0.1563 | High | 17 | 0.411924689 | | | | | 1 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	9.97	3	4	4	24	55.95	9.97	3	13	46.31	7.48	3	11	602	65.0	7.34

RLSPEHPPTRK | 3 | 1 | 1 AT5G47430.2 | S3(Phospho) | 1397.70371 | S(3): 100.0; T(9): 0.0 | 0.007 | 0.1348 | High | 11 | 1.116159998 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
ATSG47690.1	binding	1.81	3	2	2	8	267.24	1.81	2	7	51.57	0.62	1	1	1605	181.1	6.27

SNPSSPPHLAEGR | 1 | 4 | 1 AT2G20950.1 | S5(Phospho) | 1428.62480 | S(1): 0.0; S(4): 1.1; S(5): 98.8 | 0 | 0.0007959 | High | 37 | 0.002653798 | | | | | 0 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G37060.1	nuclear factor Y, subunit B8	25.43	1	2	2	8	153.23	25.43	2	8					173	19.0	6.92

KQSKTSPSVPSPK | 1 | 1 | 1 AT1G42550.1 | S3(Phospho); S11(Phospho) | 1580.70964 | S(3): 99.4; T(5): 85.8; S(6): 14.6; S(8): 0.1; S(11): 0.2 | 0.005 | 0.1004 | High | 30 | 0.017413839 | | | | | 2 | | |

Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT2G01730.1	cleavage and polyadenylation specificity factor 73 kDa subunit-II	2.12	1	1	1	2	0.00	2.12	1	2					613	68.0	7.40

YQVKEDEETRPNGAK | 1 | 1 | 1 AT3G15220.1 | T9(Phospho) | 1843.83414 | Y(1): 0.0; T(9): 100.0 | 0.04 | 0.6982 | Medium | 18 | 0.302211756 | | | | | 2 | | |

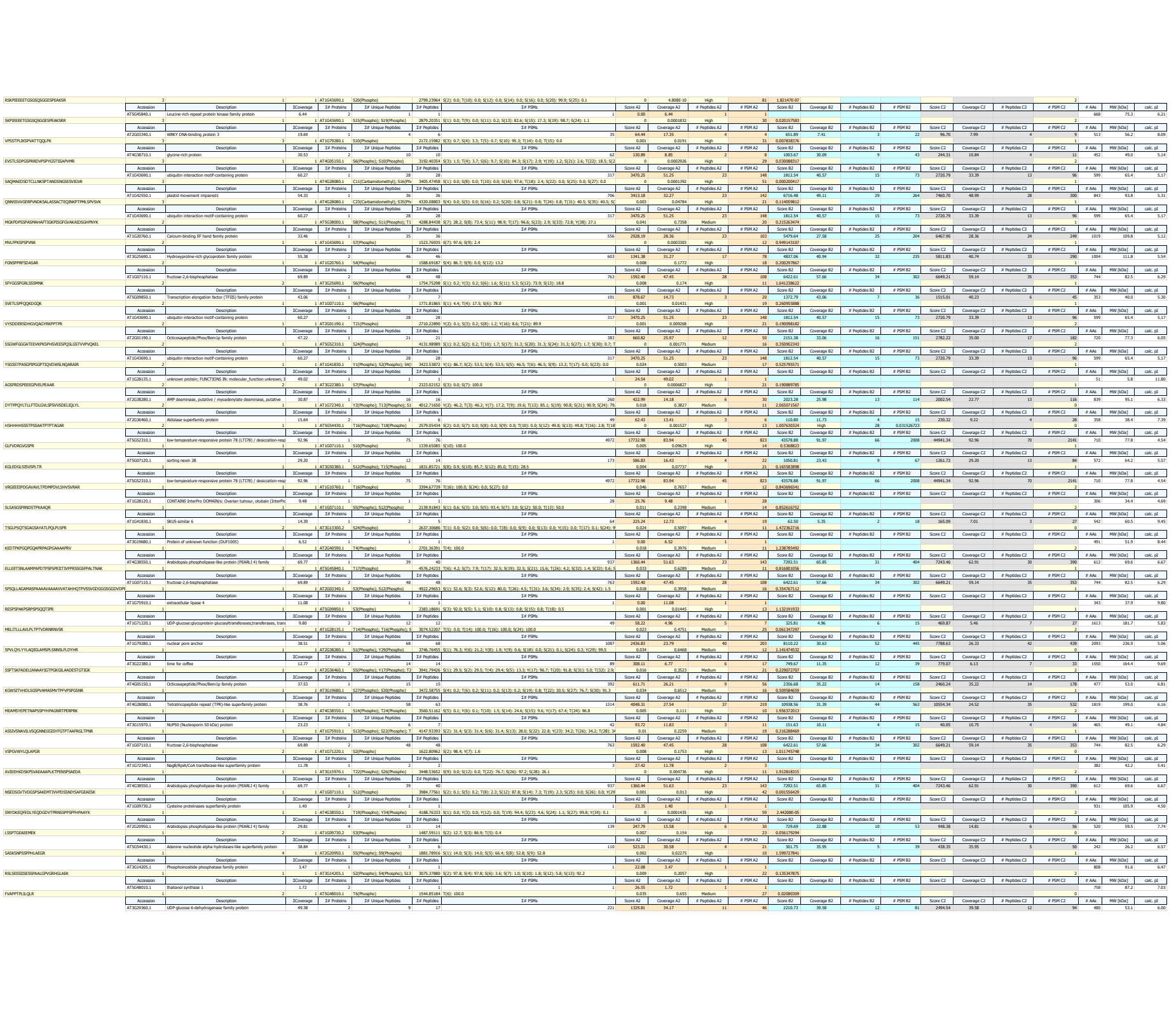
Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
AT5G48960.1	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IG, 5'-nucleotidase	4.52	1	2	2	7	20.71	4.52	2	5	14.76	1.56	1	2	642	72.8	6.40

ASDSHTPTVTTPEKPLENK | 1 |

| | | |

Tabelle B20-e

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Sain Group Access	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (mpk3)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Col-0 DD)	IonScore B2	Exp Value B2	C2 (Kontrolle)	IonScore C2	Exp Value C2	# Missed Cleavages			
LLPLFPVTSPR	34	2	1	AT1G28280.2	S9(Phospho)	1319.71257	T(8): 6.6; S(9): 93.4	0	0.002315	High	38	0.000364276	High	37	0.002738484				0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	38.76	1	1	58	63	1314	4048.31	27.54	37	219	10938.56	31.39	44	563	10554.34	24.52	35	532	1819	199.0	6.16
SYKPPVPGRSDSPKAHQNQTTNQTVFLKPAK	34	1	1	AT1G37130.1	S12(Phospho)	3501.76064	S(1): 1.4; Y(2): 1.4; S(10): 19.4; S(12): 77.8; T(20): 0.0; T(21): 0.0; T(24): 0.0	0	0.00002079	High	31	0.012671116							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	69.55	2	11	11	129	986.53	47.33	8	55	1780.27	61.32	9	74				2	243	26.7	9.95
VPYVGDKEPLSSLAAEYQSGSPILLEKIK	28	1	1	AT1G28120.1	Y17(Phospho); S21(Phospho)	3291.64174	Y(3): 0.0; S(11): 0.7; S(12): 0.7; Y(17): 96.8; S(19): 85.3; S(21): 16.5	0.002	0.02921	Medium	26	0.041810038							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	69.89	2	48	48	763	1592.40	47.45	28	108	6422.61	57.66	34	302	6649.21	59.14	35	353	744	82.5	6.29
SGDSKYQSTYEGYGSPIREEPPPPYSYSEPQSR	21	2	1	AT2G07360.1	S15(Phospho)	3760.65273	S(1): 0.0; S(4): 0.0; Y(6): 0.0; S(8): 0.0; T(9): 0.0; Y(10): 0.1; Y(13): 0.1; S(15): 99.7; Y(25):	0	8.28E-07	High	45	0.00067642							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	79.50	1	80	83	2561	9583.23	61.40	64	703	13521.71	70.45	63	842	16950.10	70.56	62	1016	917	102.8	6.54
MPVKSPLNKK	18	1	1	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1271.65839	S(5): 100.0	0.001	0.01142	High	28	0.021406167	Medium	27	0.026886787				2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G54760.2	dentin salophosphoprotein-related	73.72	2	41	41	860	3053.12	42.44	23	136	8934.22	66.62	33	351	9674.38	67.94	34	373	761	82.7	4.48
VISETDSSSSPVSTKPQAEAK	15	1	1	AT3G58220.3	S10(Phospho)	2228.03775	S(3): 0.0; T(5): 0.0; S(7): 46.7; S(8): 0.8; S(9): 5.8; S(10): 46.7; S(13): 0.0; T(14): 0.0	0	0.004341	High	51	0.000159354							0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G28280.2	VQ motif-containing protein	69.55	2	11	11	129	986.53	47.33	8	55	1780.27	61.32	9	74				2	243	26.7	9.95
FFRQESTDSLAVGSPPKSEGR	13	1	1	AT1G59710.1	S14(Phospho)	2375.09836	S(6): 0.0; T(7): 0.0; S(9): 0.0; S(14): 100.0; S(18): 0.0	0	0.0001463	High	43	0.001247861							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G50380.1	Protein of unknown function (DUF1162)	0.52	1	1	1	1	20.98	0.52	1	1									3072	343.5	7.03
LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	13	1	1	AT4G11740.1	S6(Phospho)	2468.04936	S(5): 50.0; S(6): 50.0; S(12): 0.0	0	1.546E-10	High	85	6.39761E-08	High	96	5.40777E-09				0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	32.66	2	6	17	204	256.09	21.36	10	32	2628.99	23.04	11	99	2198.33	16.78	8	73	894	98.9	7.06
	AT4G12770.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	31.83	2	5	16	193	125.11	18.34	9	26	2175.21	23.17	11	88	2085.60	16.65	9	79	889	98.1	6.77
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNRTPERPR	12	1	1	AT4G38550.1	Y17(Phospho)	3352.44619	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.2; S(14): 44.8; S(15): 44.8; Y(17): 10.2; T(24): 0.2	0	0.0002121	High	30	0.022563361	High	16	0.495916541				1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G62300.1	WRKY family transcription factor	8.86	1	3	3	19	69.38	2.89	1	7	209.19	5.97	2	12					553	60.6	6.32
VISKDSEIEETEEFDTESPLPK	11	1	1	AT5G52110.1	S18(Phospho)	2602.17057	S(3): 0.0; S(6): 0.0; T(11): 0.0; T(16): 0.0; S(18): 100.0	0	0.0001392	High	46	0.000560468							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	60.47	4	48	48	693	1256.68	37.05	23	95	5072.44	47.58	33	267	5606.36	46.84	35	331	807	89.2	5.05
IKGWFGDGATDEVKPESPHSVEEAPKSSGWFGGGATEEVKPK	11	1	1	AT5G52310.1	S17(Phospho)	4450.09260	T(10): 0.0; S(17): 98.2; S(20): 1.2; S(27): 0.3; S(28): 0.3; T(36): 0.0	0	0.000002009	High	48	0.0002953							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G58220.3	transthyretin-like protein	44.69	2	3	10	194	1774.78	41.48	9	77	1697.00	43.09	7	57	2058.55	39.87	6	60	311	34.1	6.35
EKVISKDSEIEETEEFDTESPLPK	10	1	1	AT5G52110.1	S20(Phospho)	2859.31198	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.0; T(18): 1.1; S(20): 98.9	0	8.966E-09	High	51	0.000205347							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G59710.1	Protein of unknown function (DUF569)	39.00	1	7	8	168	713.85	15.67	3	26	1883.67	34.33	6	67	2228.17	28.67	5	75	300	33.6	6.98
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	10	1	1	AT4G36960.1	S15(Phospho); S19(Phospho)	2723.10733	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.5; S(13): 0.5; S(15): 99.0; S(19): 100.0; S(24): 0.0	0	0.00003666	High	53	8.2733E-05							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	60.27	1	28	28	317	3470.25	51.25	23	148	1812.54	40.57	15	73	2720.79	33.39	13	96	599	65.4	5.17
RREESGAANGSPPPSGGSRPR	10	2	1	AT4G38710.1	S11(Phospho)	2202.01064	S(5): 1.2; S(11): 98.7; S(15): 0.1; S(18): 0.0	0.001	0.01667	High	34	0.008995511	Medium	35	0.006562483				2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	38.76	1	1	58	63	1314	4048.31	27.54	37	219	10938.56	31.39	44	563	10554.34	24.52	35	532	1819	199.0	6.16
SYKPPVPGRSDSPK	9	1	1	AT1G37130.1	S12(Phospho)	1594.76262	S(1): 0.0; Y(2): 0.0; S(10): 7.6; S(12): 92.4	0.001	0.0167	High	41	0.001108348							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	60.27	1	28	28	317	3470.25	51.25	23	148	1812.54	40.57	15	73	2720.79	33.39	13	96	599	65.4	5.17
KADVLSEDSPGEGRK	9	2	1	AT3G54760.2	S9(Phospho)	1667.76139	S(6): 0.0; S(9): 100.0	0	0.001518	High	39	0.002259698	Medium	15	0.581388218				2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G25070.1	RPM1 interacting protein 4	62.09	1	8	8	99	221.10	41.23	4	19	558.53	57.82	7	40	325.38	50.24	6	40	211	23.4	9.14
FSGSPVSTGTPKNWDSHR	9	1	1	AT2G26570.1	S4(Phospho); T10(Phospho)	2032.84879	S(2): 0.8; S(4): 95.0; S(7): 6.8; T(8): 4.2; T(10): 93.0; S(16): 0.2	0	0.002766	High	25	0.044269518							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	60.27	1	28	28	317	3470.25	51.25	23	148	1812.54	40.57	15	73	2720.79	33.39	13	96	599	65.4	5.17
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	9	1	1	AT1G43690.1	S19(Phospho)	2400.00254	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.0; S(15): 1.5; S(19): 98.5	0	3.844E-08	High	51	0.000133353							0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G03040.1	IQ-domain 2	24.51	1	8	8	90	384.62	17.35	5	34	429.52	21.69	6	23	703.32	17.35	4	33	461	50.4	10.64
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	9	1	1	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)	2479.97000	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.3; S(15): 99.7; S(19): 100.0	0	0.00001948	High	51	0.000131905							0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; I	63.10	1	9	9	68	446.05	32.14	4	30	537.56	20.83	3	19	459.00	33.93	3	19	168	18.5	8.15
LKPQSPLGGTTQENEGFTDKASAK	9	1	1	AT5G03040.1	S5(Phospho)	2584.22879	S(5): 100.0; T(10): 0.0; T(11): 0.0; T(18): 0.0; S(22): 0.0	0	0.0001392	High	57	5.10585E-05							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	60.27	1	28	28	317	3470.25	51.25	23	148	1812.54	40.57	15	73	2720.79	33.39	13	96	599	65.4	5.17
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	9	1	1	AT1G43690.1	S16(Phospho); S20(Phospho)	2636.07437	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 1.3; S(16): 98.7; S(20): 100.0	0	1.089E-09	High	65	6.35099E-06							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; I	63.10	1	9	9	68	446.05	32.14	4	30	537.56	20.83	3	19	459.00	33.93	3	19	168	18.5	8.15
LSKEQGDDDSSPNSPNDRTESSHLQK	9	1	1	AT3G58640.1	S11(Phospho); S14(Phospho)	3031.22890	S(2): 0.0; S(10): 82.6; S(11): 20.1; S(14): 93.3; T(19): 0.3; S(21): 1.8; S(22): 1.8	0	0.0008437	High	26	0.04755753							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G12780.2	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein	32.66	2	6	17	204	256.09	21.36	10	32	2628.99	23.04	11	99	2198.33	16.78	8	73	894	98.9	7.06
AAAVAALSQVLVAENKKSPDTSPTR	9	1	1	AT2G41740.1	S18(Phospho); T24(Phospho)	2684.31443	S(8): 0.0; S(18): 95.5; T(21): 4.5; S(22): 15.0; T(24): 85.0	0	0.002371	High	38	0.003250275							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3S58640.1	Mitogen activated protein kinase kinase kinase-related	4.45	1	2	2	10	43.50	4.45	2	10									809	90.0	6.74
SGSSNQSPNELAAEEK	7	2	1	AT1G28280.2	S7(Phospho)	1727.70940	S(1): 0.0; S(3): 0.0; S(4): 0.0; S(7): 100.0	0	0.0001392	High	77	2.75432E-07							0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL1 4) family	69.77	1	40	39	937	1360.44	51.63	23	143	7292.51	65.85	31	404	7243.46	62.91	30	390	612	69.6	6.67
LGREESPETESNKIQK	7	1	1	AT1G62300.1	S6(Phospho)	1924.89933	S(6): 100.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0	0	0.0005992	High	38	0.003077133							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G37130.1	nitrate reductase 2	79.50	1	80	83	2561	9583.23	61.40	64	703	13521.71	70.45	63	842	16950.10	70.56	62	1016	917	102.8	6.54
SHLRPPQNSSQSPPVESPGSYHSK	7	2	1	AT4G12780.2	S14(Phospho); S19(Phospho)	2862.25522	S(1): 0.0; S(10): 0.0; S(12): 0.1; S(14): 99.9; S(19): 96.2; S(22): 3.1; Y(23): 0.6; S(25): 0.1	0	0.0001392	High	44	0.001145562	High	41	0.002190977				0			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	14.13	2	9	9	171	1369.68	11.71	8	67	1473.88	11.37	6	54	1325.14	7.36	4	50	1196	130.0	5.69
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	7	1	1	AT1G43690.1	S16(Phospho); S20(Phospho)	2879.20839	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 0.3; S(16): 99.7; S(20): 100.0; S(25): 0.0	0	0.0001392	High	64	7.34098E-06							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G43300.2	HOPM interactor 7	42.27	3	56	58	360	2741.48	32.02	40	156	2326.92	25.07	28	97	2502.37	22.12	26	107	1727	191.3	5.68
SSVAEVTVPSSPYKHEDPTEPDSREEESPALGAIR	6	2	1	AT4G43300.2	S10(Phospho)	3846.76479	S(1): 3.1; S(2): 3.1; T(7): 6.5; S(10): 35.2; S(11): 35.2; Y(13): 14.6; T(19): 1.6; S(23): 0.5; S(	0	0.003814	High	16	0.592287883							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G30470.3	SIT4 phosphatase-associated family protein	33.90	19	19	403	2736.25	20.68	14	104	3222.39	30.24	15	138	4261.24	22.51	11	161	764	84.2	4.49
SAMSTLFDSRHPSIVVTPADSDPLFAPPSYYSESRSPR	6	1	1	AT5G07120.1	S36(Phospho)	4247.96010	S(1): 0.0; S(4): 0.0; T(5): 0.0; S(9): 0.0; S(13): 0.0; T(17): 0.0; S(21): 0.0; S(29): 8.6; Y(30):	0	0.0001392	High	66	5.52505E-06							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G10760.1	Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	18.80	1	17	19	121	39.47	5.00	4	7	565.70	14.65	15	50	733.32	14.22	13	64	1399	156.5	5.92
RSKPIEEEETGSGSQSGGESPEAK	5	1	1	AT1G43690.1	S20(Phospho)	2556.10746	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.0; S(14): 0.0; S(16): 0.0; S(20): 100.0	0	0.000006764	High	69	3.19909E-06							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	56.82	1	23	23	423	2359.86	44.09	19	120	2497.26	45.68	15	133	2939.12	39.77	15	170	440	46.6	4.92
SKPIEEEETGSGSQSGGESPEAKSR	5	1	1	AT1G43690.1	S19(Phospho)	2643.13881	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.0; S(15): 0.1; S(19): 99.9; S(24): 0.0	0	0.0001392	High	58	3.24014E-05							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G07110.1	fructose-2,6-bisphosphatase	69.89	2	48	48	763	1592.40	47.45	28	108	6422.61	57.66	34	302	6649.21	59.14	35	353	744	82.5	6.29
FENVFSSSSSPTKHR	4	4	2	AT4G12770.2;AT4	S11(Phospho)	1902.87009	S(6): 0.0; S(7): 0.0; S(9): 5.5; S(10): 5.5; S(11): 44.5; T(13): 44.5	0.004	0.06885	High	15	0.637791277							1			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G11740.1	Ubiquitin-like superfamily protein	86.17	1	47	48	1837	5912.59	77.84	34	383	11293.96	76.42	35	670	11883.07	79.79	40	784	564	62.3	4.67
SRPKPTNLRADESPEKVTVVPK	4	1	1	AT3G25070.1	S13(Phospho)	2528.32119	S(1): 0.4; T(6): 18.9; S(13): 80.7; T(18): 0.0	0.001	0.01895	High	20	0.111031554							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G13300.2	Transducin/WD40 repeat-like superfamily protein	47.52	2	40	46	678	4549.98	37.20	33	194	4835.91	35.29	33	240	5304.62	30.18	29	244	1309	141.9	6.06
TPGVPGDETTEKLPDESQVEPTENSPKASGIEPTESSPK	4	3	1	AT1G30470.3	S25(Phospho)	4073.84926	T(1): 0.0; T(9): 0.0; T(10): 0.0; S(17): 0.5; T(22): 9.1; S(25): 79.3; S(29): 3.3; T(34): 3.3; S(	0	0.0001392	High	41	0.002084202							2			
	Accession	Description	3Coverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41740.1	villin 2	43.03	2	34	36	482	2614.53	32.58	27	146	4120.54	31.15	23	167	4143.93	24.28	18	169	976	107.8	5.29
SALPLKTPENSPTATDT	4	1	1	AT1G52380.1	T7(Phospho); S11(Phospho)	1902.80901	S(1): 0.0; T(7): 100.0; S(11): 98.8; T(13): 1.2; T(15): 0.0



DLSMNKFDWDHPLHLQPMSPTTVK	1	1	1	AT3G29360.1	S19(Phospho)	2917.33999	S(3): 0.0; S(19): 95.2; T(21): 3.9; T(22): 0.9	0	0.0009782	High	14	0.878890655							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G22690.2	INVOLVED IN: photosystem II assembly, regulation of chlorophyll	3.80	2	1	1	1	0.00	3.80	1	1									842	93.4	6.10
AMLGNVLHLSPMVLATTTTTKPSLLNQSKCTK	1	2	1	AT3G22690.2	S10(Phospho); C30(Carbamidon	3535.81142	S(10): 90.8; T(16): 2.4; T(17): 5.4; T(18): 0.6; T(19): 0.3; T(20): 0.1; S(23): 0.2; S(28): 0.1; T	0.049	0.7955	Medium	13	0.41916982							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	38.76	1	58	63	1314	4048.31	27.54	37	219	10938.56	31.39	44	563	10554.34	24.52	35	532	1819	199.0	6.16
LISPISLSVTSPVKPAENPCLVLAK	1	2	1	AT5G54600.2	S3(Phospho); S6(Phospho); T10	2873.39126	S(3): 28.8; S(6): 77.6; S(8): 91.4; T(10): 76.6; S(11): 25.6	0.029	0.5902	Medium	11	2.111852655							0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G54600.2	Translation protein SH3-like family protein	27.93	2	3	3	4	31.52	27.93	3	4									179	19.7	9.70
GLLQALQGLSSPFLFWDQTGQTFRAKSHIR	1	1	1	AT1G80260.1	S10(Phospho); S11(Phospho); T	3642.70131	S(10): 100.0; S(11): 100.0; T(19): 93.1; T(22): 5.4; S(27): 1.4	0.004	0.06597	High	21	0.214194212							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G80260.1	Spc97 / Spc98 family of spindle pole body (SBP) component	3.02	1	1	1	1	20.68	3.02	1	1									995	111.4	6.16
DLTMNKFDWDHPLHLQPMSPTTVK	1	1	1	AT5G15490.1	S19(Phospho)	2931.36342	T(3): 0.0; S(19): 83.3; T(21): 14.1; T(22): 2.5	0.004	0.0755	High	16	0.616355315							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G15490.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase family protein	39.38	2	7	15	195	1416.63	34.17	11	53	1598.86	22.71	9	62	1760.03	26.46	10	80	480	53.1	6.04

Tabelle B20-f

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	ein Group Acces	Modifications	MH+ [Da]	phosphoRS Site Probabilities	q-Value	PEP	A2 (mpki6)	IonScore A2	Exp Value A2	B2 (Col-0 DD)	IonScore B2	Exp Value B2	C2 (Kontrolle)	IonScore C2	Exp Value C2	# Missed Cleavages			
LAAPSSPFDDDSDDVDEQPLVR	42	1	1	AT4G11740.1	S5(Phospho)	2468.04082	S(5): 50.0; S(6): 50.0; S(12): 0.0	0	2.159E-08	High	95	6.88687E-09	High	75	7.46317E-07				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G28080.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	37.11	1	54	56	1091	9518.75	32.22	48	433	9945.35	33.32	47	469	4542.47	26.50	32	189	1819	199.0	6.16
HPSIVVTPADSDLPLFAPPSYYSESRSPR	34	1	1	AT5G07120.1	S26(Phospho)	3152.46494	S(3): 0.0; T(7): 0.0; S(11): 0.0; S(19): 1.6; Y(20): 1.6; Y(21): 1.6; S(22): 1.6; S(24): 46.9; S(26): 46.9	0	0.00001595	Medium	58	3.43343E-05							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G41900.1	CCCH-type zinc finger protein with ARM repeat domain	27.23	2	10	11	96	240.37	7.82	4	21	959.26	27.23	11	67	139.66	7.96	4	8	716	77.9	6.35
KIEPSSNVDSLPVSPSLALYSGGDYFAR	31	1	1	AT2G20960.1	S14(Phospho)	3049.45676	S(5): 0.0; S(6): 0.0; S(10): 0.0; S(14): 100.0; S(16): 0.0; Y(20): 0.0; S(21): 0.0; Y(25): 0.0	0	8.713E-09	High	72	1.38806E-06	High	75	6.75233E-07				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL4) family	52.01	1	27	27	329	852.61	37.83	14	86	1812.96	46.12	25	206	205.37	15.11	5	37	748	84.8	9.29
MPVKSPLNKK	24	1	1	AT4G28080.1	S5(Phospho)	1271.65857	S(5): 100.0	0	0.001492	High	30	0.014240948	High	33	0.006605095				2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G15545.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thaliana protein match is: unl	91.39	1	36	36	899	8658.90	91.39	33	432	6522.94	87.24	31	315	3341.50	86.65	25	152	337	37.2	5.01
VPSSTPLIKSPVATTQQLPK	21	3	1	AT1G79280.1	S10(Phospho)	2172.16349	S(3): 0.0; S(4): 0.0; T(5): 0.0; S(10): 100.0; T(14): 0.0; T(15): 0.0	0	0.0008127	High	30	0.009354404	High	43	0.000542001				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G62300.1	WRKY family transcription factor	13.92	1	5	5	49					1989.78	13.92	5	49					553	60.6	6.32
EAPVNDDDEMDIDDVIPAPQSPLSMFNAAR	20	1	1	AT4G11740.1	S21(Phospho)	3352.45273	S(21): 99.9; S(24): 0.1	0	0.0002226	High	40	0.002072259	High	21	0.156816687				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38710.1	glycine-rich protein	48.45	2	15	15	128	847.05	39.82	10	57	1215.91	34.07	10	64	106.08	11.95	3	7	452	49.0	5.14
RREESGAANGSPPPSGGSRPR	19	2	1	AT4G38710.1	S11(Phospho)	2202.01333	S(5): 0.0; S(11): 100.0; S(15): 0.0; S(18): 0.0	0	0.0005574	High	45	0.000779877							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G13990.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	27.12	1	1	14	127	656.61	8.96	5	27	1529.87	23.82	11	82	269.28	11.56	6	18	848	92.2	8.59
	AT3G13990.2	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)	27.04	1	1	14	127	656.61	8.97	5	27	1476.61	23.73	11	83	269.28	8.62	5	17	847	92.1	8.59
EKVISKDSEEETEEFDTESPLPK	19	1	1	AT5G55210.1	S20(Phospho)	2859.30191	S(5): 0.0; S(8): 0.0; T(13): 0.0; T(18): 0.1; S(20): 99.9	0	0.000004031	High	61	1.63346E-05							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
NSSPPSPPHPAAYK	19	1	1	AT4G38550.1	S6(Phospho)	1579.69292	S(2): 0.0; S(3): 0.0; S(6): 100.0; Y(13): 0.0	0	0.002394	High	26	0.04183255	High	67	3.11365E-06				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
VHLSESPKAASSTQEAER	19	1	1	AT4G17720.1	S6(Phospho)	2006.91684	S(4): 1.1; S(6): 98.9; S(11): 0.0; S(12): 0.0; T(13): 0.0	0	0.0003584	High	33	0.012139792	High	43	0.001088722				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G41950.1	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	50.44	1	24	24	532	5769.05	38.76	20	211	6170.57	45.49	17	202	3752.08	43.36	19	119	565	62.4	4.75
SKPIEEEETGSQSQSGGESPEAK	18	1	1	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)	2479.97000	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.1; S(15): 99.9; S(19): 100.0	0	0.00005266	High	39	0.002272031							0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
TPGVPGDETTEKLPDESGVEPTENSPKASGIEPTESSPK	18	1	1	AT1G30470.3	S25(Phospho)	4073.84292	T(1): 0.0; T(9): 0.0; T(10): 0.0; S(17): 0.0; T(22): 0.4; S(25): 99.4; S(29): 0.1; T(34): 0.1; S(36): 0.0; S	0	0.0004398	High	55	7.30831E-05	High	63	1.14534E-05				2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
YGSTDHDNLSSGKKSPDSAK	18	1	1	AT5G11710.1	S15(Phospho)	2173.94144	Y(1): 0.0; S(3): 0.0; T(4): 0.0; S(10): 0.0; S(11): 0.0; S(15): 99.4; S(18): 0.5	0	0.0004095	High	36	0.005529237	Medium	27	0.038972081				2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G55210.1	unknown protein; FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; I	45.83	1	8	8	90	821.68	38.10	6	51	466.06	41.67	5	31	186.07	23.81	3	8	168	18.5	8.15
SGGSKYQSTYEGYGSPIREEPPPPYSYSEPQSR	17	2	1	AT2G07360.1	S15(Phospho)	3760.65468	S(1): 12.4; S(4): 12.4; Y(6): 2.3; S(8): 0.4; T(9): 0.4; Y(10): 0.4; Y(13): 2.3; S(15): 69.3; Y(25): 0.0; S(	0	0.00003296	High	52	0.000124841							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
THLADVVPSSPTTMEK	17	3	1	AT2G28290.2	S11(Phospho)	1879.84221	T(1): 0.0; S(9): 0.6; S(10): 0.6; S(11): 98.7; T(13): 0.0; T(14): 0.0	0	1.934E-07	High	91	1.75447E-08	High	79	2.37747E-07				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G39350.1	cellulose synthase A2	9.41	2	5	5	7	76.57	6.18	3	4	51.05	4.43	2	3				1084	122.0	7.46	
SKPIEEEETGSQSQSGGESPEAK	16	1	1	AT1G43690.1	S19(Phospho)	2400.00693	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0; S(13): 0.0; S(15): 1.2; S(19): 98.8	0	9.062E-08	High	56	4.29607E-05	High	70	7.70855E-06				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G07360.1	SH3 domain-containing protein	10.03	2	7	7	184	1829.82	10.03	7	78	1906.98	8.28	5	68	1015.93	6.27	3	38	1196	130.0	5.69
SKTPEPQFTYFEPSSR	16	1	1	AT2G20960.1	S1(Phospho)	1930.85625	S(1): 91.1; T(3): 8.9; T(9): 0.0; Y(10): 0.0; S(14): 0.0; S(15): 0.0	0	0.0001613	High	42	0.001058066	High	58	2.86055E-05				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G30470.3	SIT4 phosphatase-associated family protein	32.59	3	17	17	358	2829.48	20.68	13	107	3930.76	27.88	14	176	1765.41	21.47	11	75	764	84.2	4.49
MEAMSYEPETNAPSSPYHPAGNRTPERPR	15	1	1	AT4G38550.1	S14(Phospho); Y17(Phospho)	3432.40932	S(5): 0.0; Y(6): 0.0; T(10): 0.1; S(14): 49.3; S(15): 49.3; Y(17): 17.3; T(24): 83.9	0	0.000001476	High	20	0.181970619	High	35	0.006523985				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G52310.1	low-temperature-responsive protein 78 (LT78) / desiccation-resp	98.17	1	82	82	5243	39890.74	93.80	63	1970	46212.81	95.77	77	2376	18160.92	95.77	65	897	710	77.8	4.54
ISTPELPPPVFSKPESPEPVSTPK	15	1	1	AT4G05150.1	S16(Phospho)	2666.3625	S(2): 0.0; T(3): 0.0; S(16): 99.2; S(21): 0.6; T(22): 0.2	0	0.0001127	High	19	0.144072796	High	26	0.027076977				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G42550.1	plastid movement impaired1	54.45	1	37	37	499	4470.28	40.93	28	206	6476.14	42.82	26	222	2226.43	29.06	15	71	843	93.8	5.31
IKGWFGGGATDEVKPESPHSVEEAPKSSGWFGGGATEEVKPK	14	1	1	AT5G52310.1	S17(Phospho)	4450.08497	T(10): 0.1; S(17): 58.0; S(20): 18.0; S(27): 18.0; S(28): 5.8; T(36): 0.0	0	0.0001225	High	40	0.001755							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G47220.1	Cyclin A3;3	3.06	1	1	1	7	25.44	3.06	1	3	26.05	3.06	1	4				327	38.1	5.17	
GTSPQPRPQQEPAPSNPVR	14	1	1	AT3G45780.1	T2(Phospho)	2123.00479	T(2): 50.0; S(3): 50.0; S(15): 0.0	0	0.0003274	High	13	1.189738296	High	33	0.009850345				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G16570.1	GLN phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 1	11.48	1	5	5	38	168.61	9.36	4	17	64.39	6.89	3	7	183.10	9.01	4	14	566	61.8	6.23
LTPPGSPPILSASGTPK	13	1	1	AT4G15545.1	S6(Phospho)	1699.86357	T(2): 2.7; S(6): 82.7; S(11): 14.4; S(13): 0.1; T(15): 0.0	0	0.00293	High	49	0.000211064							0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G13350.1	NSP (nuclear shuttle protein)-interacting GTPase	30.40	3	15	15	96	300.15	22.43	9	45	149.51	22.59	11	33	88.49	12.29	5	18	602	65.0	7.34
LGREESPETESNKIQK	13	1	1	AT1G62300.1	S6(Phospho)	1924.90006	S(6): 100.0; T(9): 0.0; S(11): 0.0	0	0.0004224	High	13	1.077429452	High	39	0.002853631				2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G52380.1	NUP50 (Nucleoporin 50 kDa) protein	47.27	1	21	21	435	5805.38	44.09	19	222	3002.45	39.55	13	146	1462.66	37.50	11	67	440	46.6	4.92
RQDSGGVWGWLAGSPQEKDDDSP	13	2	2	AT3G05420.1,AT	S23(Phospho)	2509.07755	S(4): 0.0; S(14): 0.0; S(22): 100.0	0	2.108E-07	High	59	2.9035E-05							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G26570.1	Plant protein of unknown function (DUF827)	63.82	3	49	50	571	4801.73	55.14	36	234	4226.24	51.92	37	241	1396.69	42.50	26	96	807	89.2	5.05
TLPVAVVEVVKPESPVLVIVEKPK	13	2	1	AT4G38710.1	S14(Phospho)	2649.52365	T(1): 0.0; S(14): 100.0	0	0.000000991	High	51	1.2108SE-05	High	59	1.71432E-06				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AtSG11710.1	ENTH/VHS family protein	16.61	1	7	7	81	637.07	14.29	6	36	488.36	16.43	6	29	209.88	10.54	4	16	560	60.6	5.10
HRRPSSDSMSSSPPGSPAR	12	2	1	AT5G21170.1	S5(Phospho); S12(Phospho); S16(Phosp	2235.83365	S(5): 87.9; S(6): 12.0; S(8): 0.1; S(10): 1.8; S(11): 12.1; S(12): 86.5; S(16): 99.6	0	0.0004314	High	41	0.000746738	High	37	0.00183832				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G06580.1	Pentatricopeptide repeat (PPR) superfamily protein	3.80	1	1	1	4	24.41	3.80	1	3	0.00	3.80	1	1				500	56.1	8.88	
ALEESESTLKANDTDSPR	12	1	1	AT2G26570.1	S16(Phospho)	2042.89121	S(5): 0.0; S(7): 0.0; T(8): 0.0; T(14): 0.1; S(16): 99.9	0	0.0003802	High	32	0.013985088	High	51	0.000172489				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G22650.1	histone deacetylase 2B	24.18	2	3	3	12	44.03	24.18	3	6	70.62	10.46	1	6				306	32.3	4.79	
TAVYGGRSPDHREK	11	1	1	AT2G20960.1	S8(Phospho)	1652.75187	T(1): 0.0; Y(4): 0.1; S(8): 99.9	0	0.0183	Medium	26	0.047171379	High	19	0.201001064				2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20960.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL4) family	52.01	1	27	27	329	852.61	37.83	14	86	1812.96	46.12	25	206	205.37	15.11	5	37	748	84.8	9.29
LSYPTSPALPKPR	11	1	1	AT5G03460.1	S6(Phospho)	1506.77158	S(2): 0.2; Y(3): 1.2; T(5): 10.0; S(6): 88.6	0	0.001406	High	28	0.026994162	High	29	0.019359746				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT1G43690.1	ubiquitin interaction motif-containing protein	51.75	1	22	22	274	3156.22	48.25	20	152	2348.13	35.56	15	79	1270.52	30.38	13	43	599	65.4	5.17
SSPGGRSPGFETGSR	10	1	1	AT4G13350.1	S1(Phospho)	1558.66969	S(1): 0.4; S(2): 0.4; S(7): 99.3; T(12): 0.0; S(14): 0.0	0	0.004393	High	28	0.024567898	High	41	0.001024811				1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT5G13260.1	unknown protein; BEST Arabidopsis thaliana protein match is: unl	24.95	1	10	10	142	638.26	24.95	10	47	1553.00	18.99	8	69	633.29	13.22	5	26	537	59.7	6.01
SALPLKTPENSPTATDT	10	1	1	AT1G52380.1	T7(Phospho); S11(Phospho)	1902.81328	S(1): 0.0; T(7): 100.0; S(11): 49.8; T(13): 49.8; T(15): 0.4; T(17): 0.0	0	0.0002119	High	50	0.000145269							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT4G38550.1	Arabidopsis phospholipase-like protein (PEARL4) family	73.37	1	38	40	751	1267.12	50.82	21	127	8660.66	72.88	39	545	912.97	45.59	20	79	612	69.6	6.67
RSKPIEEEETGSQSQSGGESPEAKSR	9	1	1	AT1G43690.1	S16(Phospho); S20(Phospho)	2879.20669	S(2): 0.0; T(10): 0.0; S(12): 0.4; S(14): 2.3; S(16): 97.3; S(20): 100.0; S(25): 0.0	0	0.0002408	High	61	1.82995E-05							2			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT3G05420.2	acyl-CoA binding protein 4	84.75	3	1	50	1128	9132.85	74.89	42	438	10437.19	75.78	40	462	4971.53	67.56	36	228	669	73.2	5.30
	AT3G05420.1	acyl-CoA binding protein 4	84.73	3	1	50	1108	9114.30	74.85	42	433	10256.47	73.35	39	449	4975.32	67.51	36	226	668	73.0	5.30
VGVGAESPAAATDCSK	9	2	1	AT3G54760.2	S7(Phospho); C14(Carbamidomethyl)	1599.67546	S(7): 100.0; T(12): 0.0; S(15): 0.0	0	6.695E-08	High	73	5.812E-07	High	59	1.7332E-05				0			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AtG05150.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein	50.73	1	18	18	272	1019.30	42.35	14	122	2122.06	39.20	13	118	403.61	26.62	10	32	477	53.0	6.81
SKPIEEEETGSQSQSGGESPEAKSR	8	1	1	AT1G43690.1	S15(Phospho); S19(Phospho)	2723.10477	S(1): 0.0; T(9): 0.0; S(11): 0.1; S(13): 0.1; S(15): 99.7; S(19): 99.4; S(24): 0.6	0	3.58E-08	High	50	0.000188191							1			
	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	Σ# Unique Peptides	Σ# Peptides	Σ# PSMs	Score A2	Coverage A2	# Peptides A2	# PSM A2	Score B2	Coverage B2	# Peptides B2	# PSM B2	Score C2	Coverage C2	# Peptides C2	# PSM C2	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
	AT2G20960.1	Arabid

| | | |

| | | |

Tabelle B21	Proteincode	Proteinbeschreibung	Änderung	BinCode	BinName
Abiotic stress	At5g42020	BIP, BIP2 - BIP2; ATP binding	-2.05	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g15450	APG6, CLPB3, CLPB-P - CLPB3 (CASEIN LYTIC PROTEINASE B3); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding / protein binding	5.91	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At3g09440	heat shock cognate 70 kDa protein 3 (HSC70-3) (HSP70-3)	2.87	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g02500	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - HSC70-1 (HEAT SHOCK COGNATE PROTEIN 70-1); ATP binding	2.32	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At4g37910	mtHsc70-1 - mtHsc70-1 (mitochondrial heat shock protein 70-1); ATP binding	3.2	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At1g79920	ATP binding	2.02	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g28540	BIP1 - BIP1; ATP binding	2.28	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g09590	MTHSC70-2, HSC70-5 - MTHSC70-2 (MITOCHONDRIAL HSP70 2); ATP binding	3.06	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At4g24280	cpHsc70-1 - cpHsc70-1 (chloroplast heat shock protein 70-1); ATP binding	-2.11	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At4g36020	CSDP1 - CSDP1 (cold shock domain protein 1); RNA binding / double-stranded DNA binding / nucleic acid binding / single-stranded DNA binding	2.08	20.2.2	stress.abiotic.cold
	At5g52310	COR78, LTI78, RD29A, LTI140 - LTI78 (LOW-TEMPERATURE-INDUCED 78)	4.94	20.2.2	stress.abiotic.cold
	At4g02260	RSH1, AT-RSH1, ATRSH1 - RSH1 (RELA-SPOT HOMOLOG 1); catalytic	2.92	20.2.4	stress.abiotic.touch/wounding
	At5g54430	ATPHOS32, PHOS32 - universal stress protein (USP) family protein	2.12	20.2.99	stress.abiotic.unspecified
	At2g21620	RD2 - RD2	5.06	20.2.99	stress.abiotic.unspecified
Auxins	At1g24100	UGT74B1 - UGT74B1 (UDP-glucosyl transferase 74B1); UDP-glycosyltransferase/ thiohydroximate beta-D-glucosyltransferase/ transferase, transferring glycosyl groups	4.34	17.2.1	hormone metabolism.auxin.synthesis-degradation
	At5g25980	TGG2, BGLU37 - TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds / thioglucosidase	3.17	17.2.1	hormone metabolism.auxin.synthesis-degradation
	At1g51760	IAR3, JR3 - IAR3 (IAA-ALANINE RESISTANT 3); IAA-Ala conjugate hydrolase/ metallopeptidase	9.71	17.2.1	hormone metabolism.auxin.synthesis-degradation
	At1g60730	aldo/keto reductase family protein	6.02	17.2.3	hormone metabolism.auxin.induced-regulated-responsive-activated
	At5g13370	auxin-responsive GH3 family protein	5.49	17.2.3	hormone metabolism.auxin.induced-regulated-responsive-activated
ABA	At1g28200	FIP1 - FIP1 (FH INTERACTING PROTEIN 1)	3.07	17.1.3	hormone metabolism.abscisic acid.induced-regulated-responsive-activated
	At5g13200	GRAM domain-containing protein / ABA-responsive protein-related	1000	17.1.3	hormone metabolism.abscisic acid.induced-regulated-responsive-activated
Beta-Glucanase	At5g42100	ATBG_PPAP, ATBG_PAP, BG_PPAP - ATBG_PAP; glucan endo-1,3-beta-D-glucosidase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-2.89	26.4.1	misc.beta 1,3 glucan hydrolases.glucan endo-1,3-beta-glucosidase
	At4g16260	catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	6.41	26.4.1	misc.beta 1,3 glucan hydrolases.glucan endo-1,3-beta-glucosidase
Brassinosteroide	At4g33430	BAK1, RKS10, SERK3, ELG, ATSERK3, ATBAK1 - BAK1 (BRI1-ASSOCIATED RECEPTOR KINASE); kinase/ protein binding / protein heterodimerization/ protein serine/threonine kinase	9.55	17.3.2.99	hormone metabolism.brassinosteroid.signal transduction.other
cell wall	At2g27860	AXS1 - AXS1 (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1); NAD or NADH binding / UDP-glucuronate decarboxylase	2.65	10.1.3	cell wall.precursor synthesis.AXS
	At5g15490	UDP-glucose 6-dehydrogenase, putative	7.3	10.1.4	cell wall.precursor synthesis.UGD
	At2g28760	UXS6 - NAD-dependent epimerase/dehydratase family protein	5.36	10.1.5	cell wall.precursor synthesis.UXS
	At3g51160	MUR1, MUR_1, GMD2 - MUR1 (MURUS 1); GDP-mannose 4,6-dehydratase	4.14	10.1.7	cell wall.precursor synthesis.GMD
	At1g78570	RHM1, ROL1, ATRHM1 - RHM1 (RHAMNOSE BIOSYNTHESIS 1); UDP-L-rhamnose synthase/ UDP-glucose 4,6-dehydratase/ catalytic	3.04	10.1.10	cell wall.precursor synthesis.RHM
	At1g63000	NRS/ER, UER1 - NRS/ER (NUCLEOTIDE-RHAMNOSE SYNTHASE/EPIMERASE-REDUCTASE); UDP-4-keto-6-deoxy-glucose-3,5-epimerase/ UDP-4-keto-rhamnose-4-keto-reductase/ dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase/ dTDP-4-d	2.16	10.1.11	cell wall.precursor synthesis.UER
	At2g45790	ATPMM, PMM - PMM (PHOSPHOMANNOMUTASE); phosphomannomutase	2.44	10.1.21	cell wall.precursor synthesis.phosphomannomutase
	At3g12440	extensin family protein	-17.99	10.5	cell wall.cell wall proteins
	At5g15650	RGP2, ATRGP2 - RGP2 (REVERSIBLY GLYCOSYLATED POLYPEPTIDE 2); transferase, transferring hexosyl groups	2.51	10.5.5	cell wall.cell wall proteins.RGP
	At3g02230	RGP1, ATRGP1 - RGP1 (REVERSIBLY GLYCOSYLATED POLYPEPTIDE 1); cellulose synthase (UDP-forming)	2.26	10.5.5	cell wall.cell wall proteins.RGP
	At5g49360	BXL1, ATBXL1 - BXL1 (BETA-XYLOSIDASE 1); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-4.89	10.6.2	cell wall.degradation.mannan-xylose-arabinose-fucose
	At3g10740	ASD1, ARAF1, ARAF, ATASD1 - ASD1 (ALPHA-L-ARABINOFURANOSIDASE 1); alpha-N-arabinofuranosidase/ hydrolase, acting on glycosyl bonds / xylan 1,4-beta-xylosidase	-2.84	10.6.2	cell wall.degradation.mannan-xylose-arabinose-fucose
	At1g78060	glycosyl hydrolase family 3 protein	-6.44	10.6.2	cell wall.degradation.mannan-xylose-arabinose-fucose
	At5g10560	glycosyl hydrolase family 3 protein	2.22	10.6.2	cell wall.degradation.mannan-xylose-arabinose-fucose
	At1g43080	glycoside hydrolase family 28 protein / polygalacturonase (pectinase) family protein	71.19	10.6.3	cell wall.degradation.pectate lyases and polygalacturonases
	At2g18660	EXLB3 - EXLB3 (EXPANSIN-LIKE B3 PRECURSOR)	13.41	10.7	cell wall.modification
	At4g25810	XTR6, XTH23 - XTR6 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 6); hydrolase, acting on glycosyl bonds / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds / xyloglucan:xyloglucosyl transferase	57.71	10.7	cell wall.modification
	At5g65730	xyloglucan:xyloglucosyl transferase, putative / xyloglucan endotransglycosylase, putative / endo-xyloglucan transferase, putative	-3.96	10.7	cell wall.modification
	At3g05910	pectinacetylesterase, putative	-9.61	10.8.2	cell wall.pectin*esterases.acetyl esterase
	At4g19410	pectinacetylesterase, putative	4.61	10.8.2	cell wall.pectin*esterases.acetyl esterase
	At2g45220	pectinesterase family protein	33.27	10.8.99	cell wall.pectin*esterases.misc
ethylen	At5g59540	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	2.45	17.5.1	hormone metabolism.ethylene.synthesis-degradation
glutathion-s-transferases	At1g27130	ATGSTU13, GST12 - ATGSTU13 (ARABIDOPSIS THALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 13); glutathione transferase	3.89	26.9	misc.glutathione S transferases
	At1g78380	ATGSTU19, GST8 - ATGSTU19 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 19); glutathione binding / glutathione transferase	2.17	26.9	misc.glutathione S transferases
	At1g02930	ATGSTF6, GST1, ERD11, ATGSTF3, GSTF6 - ATGSTF6 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE); copper ion binding / glutathione binding / glutathione transferase	27.36	26.9	misc.glutathione S transferases
	At1g02920	ATGSTF7, GST11, ATGSTF8, GSTF7 - GSTF7; copper ion binding / glutathione binding / glutathione transferase	41.56	26.9	misc.glutathione S transferases
	At5g02780	In2-1 protein, putative	13.02	26.9	misc.glutathione S transferases
	At4g02520	ATGSTF2, ATPM24.1, ATPM24, GST2 - ATGSTF2 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHI 2); glutathione binding / glutathione transferase	7.83	26.9	misc.glutathione S transferases
	At1g74590	ATGSTU10, GSTU10 - GSTU10 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 10); glutathione transferase	15.44	26.9	misc.glutathione S transferases
	At2g02930	ATGSTF3, GST16 - ATGSTF3 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE F3); glutathione transferase	1000	26.9	misc.glutathione S transferases
	At2g30860	ATGSTF9, GLUTTR, ATGSTF7 - ATGSTF9 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE PHI 9); copper ion binding / glutathione binding / glutathione peroxidase/ glutathione transferase	2.45	26.9	misc.glutathione S transferases
	At2g29460	ATGSTU4, GST22 - ATGSTU4 (ARABIDOPSIS THALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 4); glutathione transferase	1000	26.9	misc.glutathione S transferases
	At5g02790	In2-1 protein, putative	2.04	26.9	misc.glutathione S transferases
	At4g19880	FUNCTIONS IN: molecular_function unknown; INVOLVED IN: response to cadmium ion; LOCATED IN: chloroplast; EXPRESSED IN: 23 plant structures; EXPRESSED DURING: 13 growth stages; CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Glutathi	13.01	26.9	misc.glutathione S transferases
	At2g02390	ATGSTZ1, GST18 - ATGSTZ1 (ARABIDOPSIS THALIANA GLUTATHIONE S-TRANSFERASE ZETA 1); catalytic/ glutathione transferase	3.35	26.9	misc.glutathione S transferases
heat shock proteins	At5g42020	BIP, BIP2 - BIP2; ATP binding	-2.05	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g15450	APG6, CLPB3, CLPB-P - CLPB3 (CASEIN LYTIC PROTEINASE B3); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding / protein binding	5.91	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At3g09440	heat shock cognate 70 kDa protein 3 (HSC70-3) (HSP70-3)	2.87	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g02500	HSC70-1, HSP70-1, AT-HSC70-1, HSC70 - HSC70-1 (HEAT SHOCK COGNATE PROTEIN 70-1); ATP binding	2.32	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At4g37910	mtHsc70-1 - mtHsc70-1 (mitochondrial heat shock protein 70-1); ATP binding	3.2	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At1g79920	ATP binding	2.02	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g28540	BIP1 - BIP1; ATP binding	2.28	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At5g09590	MTHSC70-2, HSC70-5 - MTHSC70-2 (MITOCHONDRIAL HSP70 2); ATP binding	3.06	20.2.1	stress.abiotic.heat
	At4g24280	cpHsc70-1 - cpHsc70-1 (chloroplast heat shock protein 70-1); ATP binding	-2.11	20.2.1	stress.abiotic.heat
JA	At1g76680	OPR1 - OPR1; 12-oxophytodienoate reductase	3.85	17.7.1.5	hormone metabolism.jasmonate.synthesis-degradation.12-Oxo-PDA-reductase
	At2g06050	OPR3 - OPR3 (OPDA-REDUCTASE 3); 12-oxophytodienoate reductase	2.88	17.7.1.5	hormone metabolism.jasmonate.synthesis-degradation.12-Oxo-PDA-reductase
MAPK	At3g21220	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEK5, MEK5 - ATMKK5 (ARABIDOPSIS THALIANA MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 5); MAP kinase kinase/ kinase	1000	30.6	signalling.MAP kinases
	At4g01370	ATMPK4, MPK4 - ATMPK4 (ARABIDOPSIS THALIANA MAP KINASE 4); MAP kinase/ kinase	1000	30.6	signalling.MAP kinases
peroxidases	At3g49120	ATPERX34, PERX34, PRXCB, ATPCB - PRXCB (PEROXIDASE CB); peroxidase	7.54	26.12	misc.peroxidases
	At4g37530	peroxidase, putative	22.62	26.12	misc.peroxidases
	At4g08770	peroxidase, putative	12.75	26.12	misc.peroxidases
	At3g42570	peroxidase-related	-2.61	26.12	misc.peroxidases
PR-proteins	At4g36140	disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class), putative	-2.39	20.1.7	stress.biotic.PR-proteins
	At1g60989	SCRL7 - SCRL7 (SCR-Like 7)	3.09	20.1.7	stress.biotic.PR-proteins
	At1g33590	disease resistance protein-related / LRR protein-related	2.33	20.1.7	stress.biotic.PR-proteins
proteolysis	At2g24200	cytosol aminopeptidase	5.29	29.5	protein.degradation
	At1g16470	PAB1 - PAB1 (PROTEASOME SUBUNIT PAB1); endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	3.16	29.5	protein.degradation

	At1g76140	serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase	2.61	29.5	protein.degradation
	At3g05350	aminopeptidase/ hydrolase	3.77	29.5	protein.degradation
	At1g49630	ATPREP2 - ATPREP2 (ARABIDOPSIS THALIANA PRESEQUENCE PROTEASE 2); catalytic/ metal ion binding / metalloendopeptidase/ metallopeptidase/ zinc ion binding	2.88	29.5	protein.degradation
	At4g33090	APM1, ATAPM1 - APM1 (AMINOPEPTIDASE M1); aminopeptidase	2.9	29.5	protein.degradation
	At4g17830	peptidase M20/M25/M40 family protein	2.73	29.5	protein.degradation
	At1g63770	peptidase M1 family protein	2.41	29.5	protein.degradation
	At3g14067	subtilase family protein	2.09	29.5.1	protein.degradation.subtilases
	At1g32940	ATSBT3.5, SBT3.5 - SBT3.5; identical protein binding / serine-type endopeptidase	10.07	29.5.1	protein.degradation.subtilases
	At1g02305	cathepsin B-like cysteine protease, putative	-8.89	29.5.3	protein.degradation.cysteine protease
	At3g12490	ATCYSB - cysteine protease inhibitor, putative / cystatin, putative	5.97	29.5.3	protein.degradation.cysteine protease
	At1g03220	extracellular dermal glycoprotein, putative / EDGP, putative	3.38	29.5.4	protein.degradation.aspartate protease
	At4g20850	TPP2 - TPP2 (TRIPEPTIDYL PEPTIDASE II); tripeptidyl-peptidase	-1000	29.5.5	protein.degradation.serine protease
	At5g51070	ERD1, CLPD - ERD1 (EARLY RESPONSIVE TO DEHYDRATION 1); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding / protein binding	15.88	29.5.5	protein.degradation.serine protease
	At3g10410	scpl49 - scpl49 (serine carboxypeptidase-like 49); serine-type carboxypeptidase	2.52	29.5.5	protein.degradation.serine protease
	At4g36580	AAA-type ATPase family protein	-7.16	29.5.9	protein.degradation.AAA type
	At3g28610	ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding	5.18	29.5.9	protein.degradation.AAA type
	At4g38630	RPN10, MCB1, ATMCB1, MBP1 - RPN10 (REGULATORY PARTICLE NON-ATPASE 10); peptide receptor	2.45	29.5.11	protein.degradation.ubiquitin
	At3g09790	UBQ8 - UBQ8; protein binding	2.25	29.5.11.1	protein.degradation.ubiquitin.ubiquitin
	At5g55160	SUM2, SUMO 2, SUMO2, ATSUMO2 - SUMO2 (SMALL UBIQUITIN-LIKE MODIFIER 2); protein binding / protein tag	4.58	29.5.11.1	protein.degradation.ubiquitin.ubiquitin
	At2g30110	ATUBA1, MOS5 - ATUBA1; ubiquitin activating enzyme/ ubiquitin-protein ligase	2.36	29.5.11.2	protein.degradation.ubiquitin.E1
	At2g36060	MMZ3, UEV1C - ubiquitin-conjugating enzyme family protein	32.05	29.5.11.3	protein.degradation.ubiquitin.E2
	At3g57870	AHUS5, EMB1637, SCE1, SCE1A, ATSCE1 - SCE1 (SUMO CONJUGATION ENZYME 1); SUMO ligase	3.08	29.5.11.3	protein.degradation.ubiquitin.E2
	At1g78870	UBC35, UBC13A - UBC35 (UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME 35); protein binding / ubiquitin-protein ligase	2.95	29.5.11.3	protein.degradation.ubiquitin.E2
	At3g54360	protein binding / zinc ion binding	-6.07	29.5.11.4.2	protein.degradation.ubiquitin.E3.RING
	At5g06600	UBP12 - UBP12 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 12); ubiquitin thiolesterase/ ubiquitin-specific protease	2.8	29.5.11.5	protein.degradation.ubiquitin.ubiquitin protease
	At2g32780	UBP1, ATUBP1 - UBP1 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 1); ubiquitin thiolesterase/ ubiquitin-specific protease/ zinc ion binding	2.58	29.5.11.5	protein.degradation.ubiquitin.ubiquitin protease
	At1g51710	UBP6, ATUBP6 - UBP6 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 6); calmodulin binding / ubiquitin-specific protease	2.45	29.5.11.5	protein.degradation.ubiquitin.ubiquitin protease
	At5g23540	26S proteasome regulatory subunit, putative	2.22	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g29150	ATS9, RPN6 - ATS9 (ARABIDOPSIS NON-ATPASE SUBUNIT 9)	2.23	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At2g20580	RPN1A, ATRPN1A - RPN1A (26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S2 1A); binding / enzyme regulator	4.71	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At5g09900	EMB2107, RPN5A, MSA - EMB2107 (EMBRYO DEFECTIVE 2107)	2.17	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At2g05840	PAA2 - PAA2 (20S PROTEASOME SUBUNIT PAA2); endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.45	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At3g22110	PAC1 - PAC1; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.15	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At5g19990	RPT6A, ATSUG1 - RPT6A (REGULATORY PARTICLE TRIPLE-A ATPASE 6A); ATPase	2.19	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g56450	PBG1 - PBG1; peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.4	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g53750	RPT1A - RPT1A (REGULATORY PARTICLE TRIPLE-A 1A); ATPase	2.9	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At5g66140	PAD2 - PAD2 (PROTEASOME ALPHA SUBUNIT D 2); endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.09	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At3g27430	PBB1 - PBB1; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	4.48	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At4g24820	26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN7)	2.49	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At3g05530	RPT5A, ATS6A.2 - RPT5A (REGULATORY PARTICLE TRIPLE-A ATPASE 5A); ATPase/ calmodulin binding	4.25	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g47250	PAF2 - PAF2; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.29	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At3g60820	PBF1 - PBF1; peptidase/ threonine-type endopeptidase	3.45	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g20200	EMB2719, HAP1S - EMB2719 (EMBRYO DEFECTIVE 2719); enzyme regulator	4.43	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At4g14800	PBD2 - PBD2 (20S PROTEASOME BETA SUBUNIT 2); peptidase/ threonine-type endopeptidase	3.98	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At2g27020	PAG1 - PAG1; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.94	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At4g19006	26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN9)	2.78	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At1g53850	PAE1, ATPAE1 - PAE1; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.76	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At4g29040	RPT2a - RPT2a (regulatory particle AAA-ATPase 2a); ATPase	3	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
	At4g31300	PBA1 - PBA1; endopeptidase/ peptidase/ threonine-type endopeptidase	2.43	29.5.11.20	protein.degradation.ubiquitin.proteasom
redox state	At1g77510	ATPDIL1-2, PDI6, ATPDI6 - ATPDIL1-2 (PDI-LIKE 1-2); protein disulfide isomerase	10.83	21.1	redox.thioredoxin
	At1g21750	ATPDIL1-1, ATPDI5, PDI5 - ATPDIL1-1 (PDI-LIKE 1-1); protein disulfide isomerase	3.56	21.1	redox.thioredoxin
	At1g07700	thioredoxin family protein	2.13	21.1	redox.thioredoxin
	At2g47470	ATPDIL2-1, UNE5, MEE30, PDI11, ATPDI11 - UNE5 (UNFERTILIZED EMBRYO SAC 5); protein disulfide isomerase	2.29	21.1	redox.thioredoxin
	At1g45145	ATTRX5, ATH5, LIV1 - ATTRX5; oxidoreductase, acting on sulfur group of donors, disulfide as acceptor	320.25	21.1	redox.thioredoxin
	At2g17420	NTRA, ATNTRA, NTR2 - NTRA (NADPH-DEPENDENT THIOREDOXIN REDUCTASE A); thioredoxin-disulfide reductase	4	21.1	redox.thioredoxin
	At5g65005	nucleic acid binding	-2	21.1	redox.thioredoxin
	At1g06650	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative	2.64	21.2	redox.ascorbate and glutathione
	At3g19010	oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	6.72	21.2	redox.ascorbate and glutathione
	At1g75270	DHAR2 - DHAR2 (DEHYDROASCORBATE REDUCTASE 2); glutathione binding / glutathione dehydrogenase (ascorbate)	2.66	21.2.1	redox.ascorbate and glutathione.ascorbate
	At5g21100	L-ascorbate oxidase, putative	-2.95	21.2.1	redox.ascorbate and glutathione.ascorbate
	At5g03630	ATMDAR2 - ATMDAR2; monodehydroascorbate reductase (NADH)	2.91	21.2.1	redox.ascorbate and glutathione.ascorbate
	At1g07890	APX1, CS1 - APX1 (ascorbate peroxidase 1); L-ascorbate peroxidase	2.04	21.2.1	redox.ascorbate and glutathione.ascorbate
	At4g08390	SAPX - SAPX (STROMAL ASCORBATE PEROXIDASE); L-ascorbate peroxidase	2.11	21.2.1	redox.ascorbate and glutathione.ascorbate
	At3g24170	ATGR1 - ATGR1 (glutathione-disulfide reductase); FAD binding / NADP or NADPH binding / glutathione-disulfide reductase/ oxidoreductase	2.54	21.2.2	redox.ascorbate and glutathione.glutathione
	At4g11600	ATGPX6, PHGPX, LSC803 - ATGPX6 (GLUTATHIONE PEROXIDASE 6); glutathione peroxidase	2.18	21.2.2	redox.ascorbate and glutathione.glutathione
	At2g31570	ATGPX2 - ATGPX2 (GLUTATHIONE PEROXIDASE 2); glutathione peroxidase	7.15	21.2.2	redox.ascorbate and glutathione.glutathione
	At5g27380	GSH2, GSHB - GSH2 (GLUTATHIONE SYNTHETASE 2); glutathione synthase	2.97	21.2.2	redox.ascorbate and glutathione.glutathione
	At5g40370	glutaredoxin, putative	3.19	21.4	redox.glutaredoxins
	At1g65980	TPX1 - TPX1 (thioredoxin-dependent peroxidase 1); antioxidant/ oxidoreductase	3.12	21.5	redox.peroxiredoxin
	At1g65970	TPX2 - TPX2 (thioredoxin-dependent peroxidase 2); antioxidant/ oxidoreductase	21.25	21.5	redox.peroxiredoxin
	At3g52960	peroxiredoxin type 2, putative	2156.03	21.5	redox.peroxiredoxin
	At1g20630	CAT1 - CAT1 (CATALASE 1); catalase	2.95	21.6	redox.dismutases and catalases
	At4g35090	CAT2 - CAT2 (CATALASE 2); catalase	-2.82	21.6	redox.dismutases and catalases
	At5g20080	NADH-cytochrome b5 reductase, putative	2.57	21.99	redox.misc
secondary metabolites	At4g15560	CLA1, DEF, CLA, DXS, DXPS2 - CLA1 (CLOROPLASTOS ALTERADOS 1); 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase	-8.66	16.1.1.1	secondary metabolism.isoprenoids.non-mevalonate pathway.DXS
	At5g62790	DXR, PDE129 - DXR (1-DEOXY-D-XYLULOSE 5-PHOSPHATE REDUCTOISOMERASE); 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate reductoisomerase	-2.22	16.1.1.2	secondary metabolism.isoprenoids.non-mevalonate pathway.DXR
	At5g60600	GCPE, ISPG, CSB3, CLB4, HDS - HDS (4-HYDROXY-3-METHYLBUT-2-ENYL DIPHOSPHATE SYNTHASE); 4 iron, 4 sulfur cluster binding / 4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase	-2.11	16.1.1.6	secondary metabolism.isoprenoids.non-mevalonate pathway.HDS
	At4g34350	CLB6, ISPH, HDR - HDR (4-HYDROXY-3-METHYLBUT-2-ENYL DIPHOSPHATE REDUCTASE); 4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate reductase/ 4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase	-2.93	16.1.1.7	secondary metabolism.isoprenoids.non-mevalonate pathway.HDR
	At4g38460	GGR - GGR (geranylgeranyl reductase); farnesyltranstransferase	-3.01	16.1.1.10	secondary metabolism.isoprenoids.non-mevalonate pathway.geranylgeranyl pyrophosphate synthase
	At3g04870	ZDS, PDE181 - ZDS (ZETA-CAROTENE DESATURASE); carotene 7,8-desaturase	-5.71	16.1.4.3	secondary metabolism.isoprenoids.carotenoids.zeta-carotene desaturase
	At1g66020	terpene synthase/cyclase family protein	1000	16.1.5	secondary metabolism.isoprenoids.terpenoids
	At4g05160	4-coumarate--CoA ligase, putative / 4-coumaroyl-CoA synthase, putative	2.14	16.2	secondary metabolism.phenylpropanoids
	At1g51680	4CL1, 4CL.1, AT4CL1 - 4CL1 (4-COUMARATE:COA LIGASE 1); 4-coumarate-CoA ligase	-5.17	16.2.1.3	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.4CL
	At1g67980	CCOAMT - CCoAMT; caffeoyl-CoA O-methyltransferase	23.55	16.2.1.6	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.CCoAOMT
	At5g54160	ATOMT1, OMT1 - ATOMT1 (O-METHYLTRANSFERASE 1); caffeate O-methyltransferase/ myricetin 3'-O-methyltransferase/ quercetin 3-O-methyltransferase	3.04	16.2.1.9	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.COMT
	At4g34230	CAD5, ATCAD5, CAD-5 - ATCAD5 (CINNAMYL ALCOHOL DEHYDROGENASE 5); cinnamyl-alcohol dehydrogenase	2.35	16.2.1.10	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.CAD
	At4g37980	ELI3-1, ELI3, ATCAD7, CAD7 - ELI3-1 (ELICITOR-ACTIVATED GENE 3-1); binding / catalytic/ oxidoreductase/ zinc ion binding	2.15	16.2.1.10	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.CAD
	At1g72680	ATCAD1, CAD1 - cinnamyl-alcohol dehydrogenase, putative	2.24	16.2.1.10	secondary metabolism.phenylpropanoids.lignin biosynthesis.CAD
	At3g49680	ATBCAT-3, BCAT3 - BCAT3 (BRANCHED-CHAIN AMINOTRANSFERASE 3); branched-chain-amino-acid transaminase/ catalytic	-2.36	16.5.1.1.1.1	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.synthesis.aliphatic.branched-chain amino acid aminotransferase (BCAT/MAAT)
	At5g23010	MAM1, IMS3 - MAM1 (METHYLTHIOALKYLMALATE SYNTHASE 1); 2-isopropylmalate synthase/ methylthioalkylmalate synthase	-6.23	16.5.1.1.1.2	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.synthesis.aliphatic.methylthioalkylmalate synthase (MAM)
	At1g74100	SOT16, ATSOT16, CORI-7, ATST5A - SOT16 (SULFOTRANSFERASE 16); desulfoglucosinolate sulfotransferase/ sulfotransferase	4.55	16.5.1.1.3.3	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.synthesis.indole.synthesis.indole-3-methyl-desulfoglucosinolate sulfotransferase
	At2g20610	SUR1, HLS3, RTY, ALF1, RTY1 - SUR1 (SUPERROOT 1); S-alkylthiohydroximate lyase/ carbon-sulfur lyase/ transaminase	3.05	16.5.1.1.4.2	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.synthesis.shared.alkylthiohydroximate C-S lyase
	At1g24100	UGT74B1 - UGT74B1 (UDP-glucosyl transferase 74B1); UDP-glycosyltransferase/ thiohydroximate beta-D-glucosyltransferase/ transferase, transferring glycosyl groups	4.34	16.5.1.1.4.3	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.synthesis.shared.UDP-glycosyltransferase

	At2g44490	PEN2, BGLU26 - PEN2 (PENETRATION 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds / thioglucosidase	2.01	16.5.1.3.1	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.degradation.myrosinase
	At5g26000	TGG1, BGLU38 - TGG1 (THIOGLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 1); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds / thioglucosidase	2.11	16.5.1.3.1.1	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.degradation.myrosinase.TGG
	At5g25980	TGG2, BGLU37 - TGG2 (GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds / thioglucosidase	3.17	16.5.1.3.1.1	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.degradation.myrosinase.TGG
	At5g22300	NIT4 - NIT4 (NITRILASE 4); 3-cyanoalanine hydratase/ cyanoalanine nitrilase/ indole-3-acetonitrile nitrilase/ nitrilase/ nitrile hydratase	8.6	16.5.1.3.3	secondary metabolism.sulfur-containing.glucosinolates.degradation.nitrilase
	At5g61160	AACT1 - AACT1 (anthocyanin 5-aromatic acyltransferase 1); transferase/ transferase, transferring acyl groups other than amino-acyl groups	15.25	16.8.1	secondary metabolism.flavonoids.anthocyanins
	At5g39050	transferase/ transferase, transferring acyl groups other than amino-acyl groups	53.39	16.8.1.21	secondary metabolism.flavonoids.anthocyanins.anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
signaling	At3g28930	AIG2 - AIG2 (AVRRPT2-INDUCED GENE 2)	14.12	20.1.3	stress.biotic.signalling
signaling	At1g08490	ATSUFS, SUFS, ATCPNIFS, ATNFS2, CPNIFS - CPNIFS (CHLOROPLASTIC NIFS-LIKE CYSTEINE DESULFURASE); cysteine desulfurase/ selenocysteine lyase/ transaminase	-2.69	30.1.1	signalling.in sugar and nutrient physiology
	At5g49760	leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein	3.35	30.2.8.1	signalling.receptor kinases.leucine rich repeat VIII-1
	At3g22060	receptor protein kinase-related	3.03	30.2.99	signalling.receptor kinases.misc
	At1g18210	calcium-binding protein, putative	3.91	30.3	signalling.calcium
	At3g20410	CPK9 - CPK9 (calmodulin-domain protein kinase 9); calmodulin-dependent protein kinase/ kinase	1000	30.3	signalling.calcium
	At3g59820	calcium-binding mitochondrial protein-related	-4.48	30.3	signalling.calcium
	At1g73440	calmodulin-related	15.57	30.3	signalling.calcium
	At1g08450	CRT3 - CRT3 (CALRETICULIN 3); calcium ion binding / unfolded protein binding	3.74	30.3	signalling.calcium
	At5g37780	CAM1, TCH1, ACAM-1 - CAM1 (CALMODULIN 1); calcium ion binding	2.22	30.3	signalling.calcium
	At4g02482	chloroplast outer envelope GTP-binding protein, putative	4.66	30.5	signalling.G-proteins
	At3g43300	ATMIN7 - ATMIN7 (ARABIDOPSIS THALIANA HOPM INTERACTOR 7); guanyl-nucleotide exchange factor/ protein binding	5.1	30.5	signalling.G-proteins
	At5g42080	ADL1, ADL1A, AG68, DRP1A, RSW9 - ADL1 (ARABIDOPSIS DYNAMIN-LIKE PROTEIN); GTP binding / GTPase/ protein binding	11.27	30.5	signalling.G-proteins
	At1g31930	XLG3 - XLG3 (extra-large GTP-binding protein 3); guanyl nucleotide binding / signal transducer	4.35	30.5	signalling.G-proteins
	At3g21220	ATMKK5, ATMAP2K_ALPHA, MAP2K_A, MKK5, ATMEK5, MEK5 - ATMKK5 (ARABIDOPSIS THALIANA MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 5); MAP kinase kinase/ kinase	1000	30.6	signalling.MAP kinases
	At4g01370	ATMPK4, MPK4 - ATMPK4 (ARABIDOPSIS THALIANA MAP KINASE 4); MAP kinase/ kinase	1000	30.6	signalling.MAP kinases
	At1g22300	GRF10, 14-3-3EPSILON, GF14 EPSILON - GRF10 (GENERAL REGULATORY FACTOR 10); ATP binding / protein binding / protein phosphorylated amino acid binding	2.37	30.7	signalling.14-3-3 proteins
	At4g09000	GRF1, GF14 CHI - 14-3-3-like protein GF14 chi / general regulatory factor 1 (GRF1)	2.56	30.7	signalling.14-3-3 proteins
	At1g35160	GRF4, 14-3-3PHI, GF14 PHI - GF14 PHI (GF14 PROTEIN PHI CHAIN); protein binding / protein phosphorylated amino acid binding	1000	30.7	signalling.14-3-3 proteins
	At1g78300	GRF2, 14-3-3OMEGA, GF14 OMEGA - GRF2 (GENERAL REGULATORY FACTOR 2); protein binding / protein phosphorylated amino acid binding	3.35	30.7	signalling.14-3-3 proteins
	At3g02520	GRF7, GF14 NU - GRF7 (GENERAL REGULATORY FACTOR 7); protein binding / protein phosphorylated amino acid binding	2.9	30.7	signalling.14-3-3 proteins
	At3g16360	AHP4 - AHP4 (HPT PHOSPHOTRANSMITTER 4); histidine phosphotransfer kinase/ transferase, transferring phosphorus-containing groups	2.06	30.10	signalling.phosphorelay
	At1g71230	CSN5B, CSN5, AJH2 - CSN5B (COP9-SIGNALOSOME 5B); protein binding	1000	30.11.1	signalling.light.COP9 signalosome
	At1g22920	CSN5A, JAB1, AJH1 - CSN5A (COP9 SIGNALOSOME 5A)	5.25	30.11.1	signalling.light.COP9 signalosome
WRKY	At4g01720	WRKY47, AtWRKY47 - WRKY47; transcription factor	4.25	27.3.32	RNA.regulation of transcription.WRKY domain transcription factor family

MS-Log-Datei C1

Tune File Values
Source Type: NSI
Capillary Temp (C): 275.00
APCI Vaporizer Temp (C): 0.00
Sheath Gas Flow (): 0.00
Aux Gas Flow (): 0.00
Sweep Gas Flow (): 0.00
Injection Waveforms: On
Ion Trap Zoom AGC Target: 3000.00
Ion Trap Full AGC Target: 30000.00
Ion Trap SIM AGC Target: 10000.00
Ion Trap MSn AGC Target: 10000.00
FTMS Injection Waveforms: On
FTMS Full AGC Target: 1000000.00
FTMS SIM AGC Target: 100000.00
FTMS MSn AGC Target: 50000.00

POSITIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.90
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 50.00
Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 600.00
Multipole 00 Offset (V): -2.00
Lens 0 Voltage (V): -3.00
Multipole 0 Offset (V): -7.00
Lens 1 Voltage (V): -15.00
Gate Lens Offset (V): -90.00
Multipole 1 Offset (V): -20.00
Front Lens (V): -8.00
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 200.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

NEGATIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.50
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 60.00
Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 600.00
Multipole 00 Offset (V): 4.00
Lens 0 Voltage (V): 4.20
Multipole 0 Offset (V): 4.50
Lens 1 Voltage (V): 15.00
Gate Lens Offset (V): 90.00
Multipole 1 Offset (V): 6.00
Front Lens (V): 6.25
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1

Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 10.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 100.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 10.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

Calibration File Values
Multiple RF Frequency: 3120.000000
Main RF Frequency: 1152.000000
QMSlope0: 34.650154
QMSlope1: 34.781292
QMSlope2: 34.423513
QMSlope3: 0.000000
QMSlope4: 0.000000
QMInt0: -18.766725
QMInt1: -12.085417
QMInt2: -14.368808
QMInt3: 0.000000
QMInt4: 0.000000
End Section Slope: 0.000000
End Section Int: 12.000000
PQD CE Factor: 8.574184
IsoW Slope: 0.000146
IsoW Int: 0.493079
Tickle Amp. Slope0: 0.000034
Tickle Amp. Int0: 0.014668
Tickle Amp. Slope1: 0.002000
Tickle Amp. Int1: 0.400000
Tickle Amp. Slope2: 0.002000
Tickle Amp. Int2: 0.400000
Tickle Amp. Slope3: 0.002000
Tickle Amp. Int3: 0.400000
Multiplier 1 Normal Gain (pos): -979.687500
Multiplier 1 High Gain (pos): -1124.687500
Multiplier 2 Normal Gain (pos): -1056.562500
Multiplier 2 High Gain (pos): -1217.187500
Multiplier 1 Normal Gain (neg): -849.062500
Multiplier 1 High Gain (neg): -990.312500
Multiplier 2 Normal Gain (neg): -869.062500
Multiplier 2 High Gain (neg): -1009.687500
Res. Eject Slope[0][0]: 0.014438
Res. Eject Intercept[0][0]: 1.446454
Res. Eject Slope[0][1]: 0.013749
Res. Eject Intercept[0][1]: 1.541619
Res. Eject Slope[0][2]: 0.011508

Res. Eject Intercept[0][2]:   1.978747
Res. Eject Slope[0][3]: 0.008828
Res. Eject Intercept[0][3]:   3.383598
Res. Eject Slope[0][4]: 0.008723
Res. Eject Intercept[0][4]:   3.512145
Res. Eject Slope[0][5]: 0.008660
Res. Eject Intercept[0][5]:   3.608422
Res. Eject Slope[0][6]: 0.008600
Res. Eject Intercept[0][6]:   3.000000
Res. Eject Slope[0][7]: 0.008600
Res. Eject Intercept[0][7]:   3.000000
Res. Eject Slope[0][8]: 0.008600
Res. Eject Intercept[0][8]:   3.000000
Res. Eject Slope[0][9]: 0.008600
Res. Eject Intercept[0][9]:   3.000000
Res. Eject Slope[1][0]: 0.008563
Res. Eject Intercept[1][0]:   0.220558
Res. Eject Slope[1][1]: 0.007828
Res. Eject Intercept[1][1]:   0.321988
Res. Eject Slope[1][2]: 0.005522
Res. Eject Intercept[1][2]:   0.771869
Res. Eject Slope[1][3]: 0.004616
Res. Eject Intercept[1][3]:   1.246972
Res. Eject Slope[1][4]: 0.003392
Res. Eject Intercept[1][4]:   2.743147
Res. Eject Slope[1][5]: 0.002655
Res. Eject Intercept[1][5]:   3.863724
Res. Eject Slope[1][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[1][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[1][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[1][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[1][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][0]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][0]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][1]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][1]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][2]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][2]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][3]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][3]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][4]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][4]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][5]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][5]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][6]: 1250.000000
Res. Eject Intercept[2][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][9]:   4e+93
Res. Eject Slope[3][0]: 0.025578
Res. Eject Intercept[3][0]:   2.438614
Res. Eject Slope[3][1]: 0.023656
Res. Eject Intercept[3][1]:   2.704062
Res. Eject Slope[3][2]: 0.017571
Res. Eject Intercept[3][2]:   3.891974
Res. Eject Slope[3][3]: 0.010577
Res. Eject Intercept[3][3]:   7.560968

Res. Eject Slope[3][4]: 0.011313
Res. Eject Intercept[3][4]: 6.662452
Res. Eject Slope[3][5]: 0.011755
Res. Eject Intercept[3][5]: 5.989335
Res. Eject Slope[3][6]: 0.010400
Res. Eject Intercept[3][6]: 7.000000
Res. Eject Slope[3][7]: 0.010400
Res. Eject Intercept[3][7]: 7.000000
Res. Eject Slope[3][8]: 0.010400
Res. Eject Intercept[3][8]: 7.000000
Res. Eject Slope[3][9]: 0.010400
Res. Eject Intercept[3][9]: 7.000000
Res. Eject Slope[4][0]: 0.013600
Res. Eject Intercept[4][0]: 14.750000
Res. Eject Slope[4][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][1]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][2]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][3]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][4]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][5]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][6]: 1500.000000
Res. Eject Intercept[4][6]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][7]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][8]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][9]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][0]: 0.001790
Res. Eject Intercept[5][0]: 7.570000
Res. Eject Slope[5][1]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][1]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][2]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][2]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][3]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][3]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][4]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][4]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][5]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][5]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][6]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][6]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][7]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][7]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][8]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][8]: 1e+100
Res. Eject Slope[5][9]: 1e+100
Res. Eject Intercept[5][9]: 1e+100
Res. Eject Slope[6][0]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][0]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][1]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][1]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][2]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][2]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][3]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][3]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][4]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][4]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][5]: 0.004170

Res. Eject Intercept[6][5]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][6]: 220.000000
Res. Eject Intercept[6][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][9]: 5e+59
Res. Eject Intercept[6][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][0]: 0.000242
Res. Eject Intercept[7][0]:   0.497958
Res. Eject Slope[7][1]: 0.000267
Res. Eject Intercept[7][1]:   0.494618
Res. Eject Slope[7][2]: 0.000344
Res. Eject Intercept[7][2]:   0.479564
Res. Eject Slope[7][3]: 0.000549
Res. Eject Intercept[7][3]:   0.371934
Res. Eject Slope[7][4]: 0.000749
Res. Eject Intercept[7][4]:   0.128023
Res. Eject Slope[7][5]: 0.000869
Res. Eject Intercept[7][5]:   -0.054620
Res. Eject Slope[7][6]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][6]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][7]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][7]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][8]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][8]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][9]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][9]:   0.500000
Res. Eject Slope[8][0]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][0]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][1]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][1]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][2]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][2]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][3]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][3]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][4]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][4]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][5]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][5]:   0.600000
Res. Eject Slope[8][6]: 500.000000
Res. Eject Intercept[8][6]:   0.800000
Res. Eject Slope[8][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[8][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[8][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][0]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][0]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][1]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][2]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][3]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][4]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][5]:   0.000000
Res. Eject Slope[9][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][6]:   0.000000

```
Res. Eject Slope[9][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][9]: 1e+151
Res. Eject Intercept[9][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[10][0]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][0]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][1]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][1]:    3.000000
Res. Eject Slope[10][2]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][2]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][3]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][3]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][4]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][4]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][5]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][5]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][6]:        1000.000000
Res. Eject Intercept[10][6]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][7]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][7]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][8]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][8]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][9]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][9]:    0.000000
Res. Eject Slope[11][0]:        0.011391
Res. Eject Intercept[11][0]:    0.577376
Res. Eject Slope[11][1]:        0.010821
Res. Eject Intercept[11][1]:    0.656086
Res. Eject Slope[11][2]:        0.008873
Res. Eject Intercept[11][2]:    1.036169
Res. Eject Slope[11][3]:        0.006596
Res. Eject Intercept[11][3]:    2.230063
Res. Eject Slope[11][4]:        0.006003
Res. Eject Intercept[11][4]:    2.953824
Res. Eject Slope[11][5]:        0.005647
Res. Eject Intercept[11][5]:    3.495893
Res. Eject Slope[11][6]:        0.011300
Res. Eject Intercept[11][6]:    2.800000
Res. Eject Slope[11][7]:        0.011300
Res. Eject Intercept[11][7]:    2.800000
Res. Eject Slope[11][8]:        0.011300
Res. Eject Intercept[11][8]:    2.800000
Res. Eject Slope[11][9]:        0.011300
Res. Eject Intercept[11][9]:    2.800000
Mass Slope[0][0]:       27.216533
Mass Intercept[0][0]:   41.717639
Mass Slope[0][1]:       27.171474
Mass Intercept[0][1]:   47.938764
Mass Slope[0][2]:       27.139102
Mass Intercept[0][2]:   54.254194
Mass Slope[0][3]:       27.121186
Mass Intercept[0][3]:   63.646794
Mass Slope[0][4]:       27.101979
Mass Intercept[0][4]:   87.118527
Mass Slope[0][5]:       27.102894
Mass Intercept[0][5]:   85.724715
Mass Slope[0][6]:       26.832875
Mass Intercept[0][6]:   55.654097
Mass Slope[0][7]:       26.832875
Mass Intercept[0][7]:   55.654097
Mass Slope[0][8]:       26.832875
```

```
Mass Intercept[0][8]:   55.654097
Mass Slope[0][9]:       26.832875
Mass Intercept[0][9]:   55.654097
Mass Slope[1][0]:       27.084565
Mass Intercept[1][0]:   -11.937850
Mass Slope[1][1]:       27.089943
Mass Intercept[1][1]:   -12.680266
Mass Slope[1][2]:       27.111476
Mass Intercept[1][2]:   -16.881164
Mass Slope[1][3]:       27.115066
Mass Intercept[1][3]:   -18.763177
Mass Slope[1][4]:       27.126696
Mass Intercept[1][4]:   -32.975331
Mass Slope[1][5]:       27.137535
Mass Intercept[1][5]:   -49.471530
Mass Slope[1][6]:       26.821989
Mass Intercept[1][6]:   -11.475836
Mass Slope[1][7]:       26.821989
Mass Intercept[1][7]:   -11.475836
Mass Slope[1][8]:       26.821989
Mass Intercept[1][8]:   -11.475836
Mass Slope[1][9]:       26.821989
Mass Intercept[1][9]:   -11.475836
Mass Slope[2][0]:       13.586847
Mass Intercept[2][0]:   -8.020753
Mass Slope[2][1]:       13.545163
Mass Intercept[2][1]:   17.147702
Mass Slope[2][2]:       13.540255
Mass Intercept[2][2]:   24.102238
Mass Slope[2][3]:       13.532872
Mass Intercept[2][3]:   41.985089
Mass Slope[2][4]:       13.531608
Mass Intercept[2][4]:   45.634259
Mass Slope[2][5]:       13.542119
Mass Intercept[2][5]:   10.406144
Mass Slope[2][6]:       3.070000
Mass Intercept[2][6]:   0.000000
Mass Slope[2][7]:       0.000000
Mass Intercept[2][7]:   0.000000
Mass Slope[2][8]:       0.000000
Mass Intercept[2][8]:   0.000000
Mass Slope[2][9]:       0.000000
Mass Intercept[2][9]:   0.000000
Mass Slope[3][0]:       27.373030
Mass Intercept[3][0]:   190.544832
Mass Slope[3][1]:       27.245132
Mass Intercept[3][1]:   208.213730
Mass Slope[3][2]:       27.193624
Mass Intercept[3][2]:   218.268170
Mass Slope[3][3]:       27.179309
Mass Intercept[3][3]:   225.778494
Mass Slope[3][4]:       27.141830
Mass Intercept[3][4]:   271.588960
Mass Slope[3][5]:       27.125829
Mass Intercept[3][5]:   295.948008
Mass Slope[3][6]:       26.895666
Mass Intercept[3][6]:   237.168694
Mass Slope[3][7]:       26.895666
Mass Intercept[3][7]:   237.168694
Mass Slope[3][8]:       26.895666
Mass Intercept[3][8]:   237.168694
Mass Slope[3][9]:       26.895666
Mass Intercept[3][9]:   237.168694
```

```
Mass Slope[4][0]:       27.245132
Mass Intercept[4][0]:   208.213730
Mass Slope[4][1]:       27.515070
Mass Intercept[4][1]:   190.714333
Mass Slope[4][2]:       27.515070
Mass Intercept[4][2]:   190.714333
Mass Slope[4][3]:       27.515070
Mass Intercept[4][3]:   190.714333
Mass Slope[4][4]:       27.515070
Mass Intercept[4][4]:   190.714333
Mass Slope[4][5]:       27.515070
Mass Intercept[4][5]:   190.714333
Mass Slope[4][6]:       0.000000
Mass Intercept[4][6]:   0.000000
Mass Slope[4][7]:       0.000000
Mass Intercept[4][7]:   0.000000
Mass Slope[4][8]:       0.000000
Mass Intercept[4][8]:   0.000000
Mass Slope[4][9]:       0.000000
Mass Intercept[4][9]:   0.000000
Mass Slope[5][0]:       13.665110
Mass Intercept[5][0]:   -33.841342
Mass Slope[5][1]:       13.665110
Mass Intercept[5][1]:   -33.841342
Mass Slope[5][2]:       13.665110
Mass Intercept[5][2]:   -33.841342
Mass Slope[5][3]:       13.665110
Mass Intercept[5][3]:   -33.841342
Mass Slope[5][4]:       13.665110
Mass Intercept[5][4]:   -33.841342
Mass Slope[5][5]:       13.665110
Mass Intercept[5][5]:   -33.841342
Mass Slope[5][6]:       1e+100
Mass Intercept[5][6]:   1e+100
Mass Slope[5][7]:       1e+100
Mass Intercept[5][7]:   1e+100
Mass Slope[5][8]:       1e+100
Mass Intercept[5][8]:   1e+100
Mass Slope[5][9]:       1e+100
Mass Intercept[5][9]:   1e+100
Mass Slope[6][0]:       13.573936
Mass Intercept[6][0]:   -29.614574
Mass Slope[6][1]:       13.556447
Mass Intercept[6][1]:   -19.061445
Mass Slope[6][2]:       13.549415
Mass Intercept[6][2]:   -9.104105
Mass Slope[6][3]:       13.548081
Mass Intercept[6][3]:   -5.874639
Mass Slope[6][4]:       13.546998
Mass Intercept[6][4]:   -2.749093
Mass Slope[6][5]:       13.548445
Mass Intercept[6][5]:   -7.595928
Mass Slope[6][6]:       0.000000
Mass Intercept[6][6]:   1.000000
Mass Slope[6][7]:       0.000000
Mass Intercept[6][7]:   0.000000
Mass Slope[6][8]:       0.000000
Mass Intercept[6][8]:   0.000000
Mass Slope[6][9]:       0.000000
Mass Intercept[6][9]:   0.000000
Mass Slope[7][0]:       27.147681
Mass Intercept[7][0]:   -28.225170
Mass Slope[7][1]:       27.154364
```

```
Mass Intercept[7][1]:   -29.074039
Mass Slope[7][2]:       27.145166
Mass Intercept[7][2]:   -27.381399
Mass Slope[7][3]:       27.148175
Mass Intercept[7][3]:   -28.925868
Mass Slope[7][4]:       27.146270
Mass Intercept[7][4]:   -27.000108
Mass Slope[7][5]:       27.145644
Mass Intercept[7][5]:   -26.117016
Mass Slope[7][6]:       26.890000
Mass Intercept[7][6]:   -34.990000
Mass Slope[7][7]:       26.890000
Mass Intercept[7][7]:   -34.990000
Mass Slope[7][8]:       26.890000
Mass Intercept[7][8]:   -34.990000
Mass Slope[7][9]:       26.890000
Mass Intercept[7][9]:   -34.990000
Mass Slope[8][0]:       13.574985
Mass Intercept[8][0]:   -32.836089
Mass Slope[8][1]:       13.572479
Mass Intercept[8][1]:   -31.323833
Mass Slope[8][2]:       13.572110
Mass Intercept[8][2]:   -30.802538
Mass Slope[8][3]:       13.573063
Mass Intercept[8][3]:   -33.109467
Mass Slope[8][4]:       13.573882
Mass Intercept[8][4]:   -35.472960
Mass Slope[8][5]:       13.575700
Mass Intercept[8][5]:   -41.567341
Mass Slope[8][6]:       0.000000
Mass Intercept[8][6]:   0.000000
Mass Slope[8][7]:       0.000000
Mass Intercept[8][7]:   0.000000
Mass Slope[8][8]:       0.000000
Mass Intercept[8][8]:   0.000000
Mass Slope[8][9]:       0.000000
Mass Intercept[8][9]:   0.000000
Mass Slope[9][0]:       9.683747
Mass Intercept[9][0]:   1.008724
Mass Slope[9][1]:       9.683747
Mass Intercept[9][1]:   1.008724
Mass Slope[9][2]:       9.683747
Mass Intercept[9][2]:   1.008724
Mass Slope[9][3]:       9.683747
Mass Intercept[9][3]:   1.008724
Mass Slope[9][4]:       9.683747
Mass Intercept[9][4]:   1.008724
Mass Slope[9][5]:       9.683747
Mass Intercept[9][5]:   1.008724
Mass Slope[9][6]:       0.000000
Mass Intercept[9][6]:   1.000000
Mass Slope[9][7]:       0.000000
Mass Intercept[9][7]:   0.000000
Mass Slope[9][8]:       0.000000
Mass Intercept[9][8]:   0.000000
Mass Slope[9][9]:       0.000000
Mass Intercept[9][9]:   0.000000
Mass Slope[10][0]:      9.683747
Mass Intercept[10][0]:  1.008724
Mass Slope[10][1]:      9.683747
Mass Intercept[10][1]:  1.008724
Mass Slope[10][2]:      9.683747
Mass Intercept[10][2]:  1.008724
```

```
Mass Slope[10][3]:      9.683747
Mass Intercept[10][3]:  1.008724
Mass Slope[10][4]:      9.683747
Mass Intercept[10][4]:  1.008724
Mass Slope[10][5]:      9.683747
Mass Intercept[10][5]:  1.008724
Mass Slope[10][6]:      0.000000
Mass Intercept[10][6]:  0.000000
Mass Slope[10][7]:      0.000000
Mass Intercept[10][7]:  0.000000
Mass Slope[10][8]:      0.000000
Mass Intercept[10][8]:  0.000000
Mass Slope[10][9]:      0.000000
Mass Intercept[10][9]:  0.000000
Mass Slope[11][0]:      27.127586
Mass Intercept[11][0]:  4.773351
Mass Slope[11][1]:      27.109010
Mass Intercept[11][1]:  7.338027
Mass Slope[11][2]:      27.107384
Mass Intercept[11][2]:  7.655287
Mass Slope[11][3]:      27.112465
Mass Intercept[11][3]:  4.991383
Mass Slope[11][4]:      27.110967
Mass Intercept[11][4]:  6.821649
Mass Slope[11][5]:      27.116331
Mass Intercept[11][5]:  -1.342046
Mass Slope[11][6]:      26.811945
Mass Intercept[11][6]:  6.042517
Mass Slope[11][7]:      26.811945
Mass Intercept[11][7]:  6.042517
Mass Slope[11][8]:      26.811945
Mass Intercept[11][8]:  6.042517
Mass Slope[11][9]:      26.811945
Mass Intercept[11][9]:  6.042517
Vernier Fine Mass Slope:        428.129990
Vernier Fine Mass Intercept:    0.000000
Vernier Coarse Mass Slope:      0.000000
Vernier Coarse Mass Intercept:  0.000000
Center Lens High-Low Transfer (pos) (V):        -0.55
Back Section High-Low Transfer (pos) (V):       -0.95
Center Lens High-Low Transfer (neg) (V):        0.93
Back Section High-Low Transfer (neg) (V):       0.73
Center Lens Low-High Transfer (pos) (V):        -2.37
Front Section Low-High Transfer (pos) (V):      -1.09
Center Lens Low-High Transfer (neg) (V):        3.22
Front Section Low-High Transfer (neg) (V):      3.62
Scan Phase 0:   18.000000
Scan Phase 1:   30.500000
Scan Phase 2:   0.000000
Scan Phase 3:   0.000000
Scan Phase 4:   0.000000
Scan Phase 5:   0.000000
Scan Phase 6:   30.500000
Scan Phase 7:   0.000000
Scan Phase 8:   32.400000
Scan Phase 9:   0.000000
Scan Phase 10:  0.000000
Scan Phase 11:  0.000000
Multiplier 1 Res Ej Phase (pos):        124.428571
Multiplier 2 Res Ej Phase (pos):        85.428571
Multiplier 1 Res Ej Phase (neg):        18.571429
Multiplier 2 Res Ej Phase (neg):        94.714286
Cap. Device Min (V):    0.000000
```

Cap. Device Max (V):   0.000000
Tube Lens Device Min (V):   0.000000
Tube Lens Device Max (V):   0.000000
Skimmer Device Min (V): 0.000000
Skimmer Device Max (V): 0.000000
Multipole 00 Device Min (V):   -139.483666
Multipole 00 Device Max (V):   139.106539
Lens 0 Device Min (V): -141.039879
Lens 0 Device Max (V): 140.765475
Gate Lens Device Min (V):   -136.469827
Gate Lens Device Max (V):   136.202345
Split Gate Device Min (V):   0.153043
Split Gate Device Max (V):   0.035231
Multipole 0 Device Min (V):   -139.478593
Multipole 0 Device Max (V):   139.279286
Lens 1 Device Min (V): -140.404701
Lens 1 Device Max (V): 140.250319
Multipole 1 Device Min (V):   -140.915468
Multipole 1 Device Max (V):   140.822480
Front Lens Device Min (V):   -140.865080
Front Lens Device Max (V):   140.810333
Front Section Device Min (V):   -142.397025
Front Section Device Max (V):   142.009203
Center Section Device Min (V): -142.811236
Center Section Device Max (V): 142.898092
Back Section Device Min (V):   -143.121036
Back Section Device Max (V):   143.054472
Back Lens Device Min (V):   0.000000
Back Lens Device Max (V):   0.000000
Center Lens LPT Device Min (V): -144.278768
Center Lens LPT Device Max (V): 144.109281
Front Section LPT Device Min (V):   -142.948197
Front Section LPT Device Max (V):   142.677792
Center Section LPT Device Min (V):   -143.337637
Center Section LPT Device Max (V):   142.814572
Back Section LPT Device Min (V):   -141.585181
Back Section LPT Device Max (V):   141.814825
FT Cal. Item 1: 308.000000
FT Cal. Item 2: 4.750000
FT Cal. Item 3: 4.750000
FT Cal. Item 4: 3.521787
FT Cal. Item 5: 3.521787
FT Cal. Item 6: 8.000000
FT Cal. Item 7: 8.000000
FT Cal. Item 8: 8.000000
FT Cal. Item 9: 8.000000
FT Cal. Item 10:   5.950000
FT Cal. Item 11:   5.950000
FT Cal. Item 12:   3.868276
FT Cal. Item 13:   3.868276
FT Cal. Item 14:   8.000000
FT Cal. Item 15:   8.000000
FT Cal. Item 16:   8.000000
FT Cal. Item 17:   8.000000
FT Cal. Item 18:   18.000000
FT Cal. Item 19:   18.000000
FT Cal. Item 20:   18.000000
FT Cal. Item 21:   18.000000
FT Cal. Item 22:   500.000000
FT Cal. Item 23:   500.000000
FT Cal. Item 24:   500.000000
FT Cal. Item 25:   500.000000
FT Cal. Item 26:   500.000000

```
FT Cal. Item 27:        500.000000
FT Cal. Item 28:        500.000000
FT Cal. Item 29:        500.000000
FT Cal. Item 30:        6.000000
FT Cal. Item 31:        6.000000
FT Cal. Item 32:        6.000000
FT Cal. Item 33:        6.000000
FT Cal. Item 34:        15.000000
FT Cal. Item 35:        15.000000
FT Cal. Item 36:        15.000000
FT Cal. Item 37:        15.000000
FT Cal. Item 38:        5.000000
FT Cal. Item 39:        5.000000
FT Cal. Item 40:        5.000000
FT Cal. Item 41:        5.000000
FT Cal. Item 42:        250.000000
FT Cal. Item 43:        250.000000
FT Cal. Item 44:        250.000000
FT Cal. Item 45:        250.000000
FT Cal. Item 46:        250.000000
FT Cal. Item 47:        250.000000
FT Cal. Item 48:        250.000000
FT Cal. Item 49:        250.000000
FT Cal. Item 50:        0.000000
FT Cal. Item 51:        0.000000
FT Cal. Item 52:        330.000000
FT Cal. Item 53:        330.000000
FT Cal. Item 54:        0.000000
FT Cal. Item 55:        0.000000
FT Cal. Item 56:        0.000000
FT Cal. Item 57:        0.000000
FT Cal. Item 58:        172.500000
FT Cal. Item 59:        172.500000
FT Cal. Item 60:        172.500000
FT Cal. Item 61:        172.500000
FT Cal. Item 62:        0.000000
FT Cal. Item 63:        0.000000
FT Cal. Item 64:        0.000000
FT Cal. Item 65:        0.000000
FT Cal. Item 66:        150.000000
FT Cal. Item 67:        150.000000
FT Cal. Item 68:        49.535898
FT Cal. Item 69:        49.535898
FT Cal. Item 70:        220.000000
FT Cal. Item 71:        220.000000
FT Cal. Item 72:        234.773503
FT Cal. Item 73:        234.773503
FT Cal. Item 74:        1075.000000
FT Cal. Item 75:        1075.000000
FT Cal. Item 76:        1030.000000
FT Cal. Item 77:        1030.000000
FT Cal. Item 78:        5.000000
FT Cal. Item 79:        47463437.904295
FT Cal. Item 80:        47463437.904295
FT Cal. Item 81:        47463437.904295
FT Cal. Item 82:        47463437.904295
FT Cal. Item 83:        46000100.000000
FT Cal. Item 84:        46000100.000000
FT Cal. Item 85:        46000100.000000
FT Cal. Item 86:        46000100.000000
FT Cal. Item 87:        47461106.247630
FT Cal. Item 88:        47461106.247630
FT Cal. Item 89:        47461106.247630
```

```
FT Cal. Item 90:        47461106.247630
FT Cal. Item 91:        46000000.000000
FT Cal. Item 92:        46000000.000000
FT Cal. Item 93:        46000000.000000
FT Cal. Item 94:        46000000.000000
FT Cal. Item 95:        8000000.000000
FT Cal. Item 96:        8000000.000000
FT Cal. Item 97:        8000000.000000
FT Cal. Item 98:        8000000.000000
FT Cal. Item 99:        8000016.000000
FT Cal. Item 100:       8000016.000000
FT Cal. Item 101:       8000016.000000
FT Cal. Item 102:       8000016.000000
FT Cal. Item 103:       8000000.000000
FT Cal. Item 104:       8000000.000000
FT Cal. Item 105:       8000000.000000
FT Cal. Item 106:       8000000.000000
FT Cal. Item 107:       8000000.000000
FT Cal. Item 108:       8000000.000000
FT Cal. Item 109:       8000000.000000
FT Cal. Item 110:       8000000.000000
FT Cal. Item 111:       1167838.250000
FT Cal. Item 112:       2979570.250000
FT Cal. Item 113:       8376579.000000
FT Cal. Item 114:       14520625.000000
FT Cal. Item 115:       1167838.250000
FT Cal. Item 116:       2979570.250000
FT Cal. Item 117:       8376579.000000
FT Cal. Item 118:       14520625.000000
FT Cal. Item 119:       1977585.125000
FT Cal. Item 120:       4900265.000000
FT Cal. Item 121:       8931689.000000
FT Cal. Item 122:       12614518.000000
FT Cal. Item 123:       1977585.125000
FT Cal. Item 124:       4900265.000000
FT Cal. Item 125:       8931689.000000
FT Cal. Item 126:       12614518.000000
FT Cal. Item 127:       368361.195414
FT Cal. Item 128:       359698.560003
FT Cal. Item 129:       364041.127328
FT Cal. Item 130:       359698.560003
FT Cal. Item 131:       -0.250000
FT Cal. Item 132:       -0.250000
FT Cal. Item 133:       -0.500000
FT Cal. Item 134:       -0.500000
FT Cal. Item 135:       -41.250000
FT Cal. Item 136:       -41.250000
FT Cal. Item 137:       -40.500000
FT Cal. Item 138:       -40.500000
FT Cal. Item 139:       -1.000000
FT Cal. Item 140:       -1.000000
FT Cal. Item 141:       -11.000000
FT Cal. Item 142:       -11.000000
FT Cal. Item 143:       58.000000
FT Cal. Item 144:       58.000000
FT Cal. Item 145:       56.000000
FT Cal. Item 146:       56.000000
FT Cal. Item 147:       50.000000
FT Cal. Item 148:       50.000000
FT Cal. Item 149:       50.000000
FT Cal. Item 150:       50.000000
FT Cal. Item 151:       -12.500000
FT Cal. Item 152:       -12.500000
```

```
FT Cal. Item 153:       -14.000000
FT Cal. Item 154:       -14.000000
FT Cal. Item 155:       -0.100000
FT Cal. Item 156:       -0.100000
FT Cal. Item 157:       -0.200000
FT Cal. Item 158:       -0.200000
FT Cal. Item 159:       2300.000000
FT Cal. Item 160:       2300.000000
FT Cal. Item 161:       2300.000000
FT Cal. Item 162:       2300.000000
FT Cal. Item 163:       0.200000
FT Cal. Item 164:       0.200000
FT Cal. Item 165:       0.200000
FT Cal. Item 166:       0.200000
FT Cal. Item 167:       2780.000000
FT Cal. Item 168:       2780.000000
FT Cal. Item 169:       2680.000000
FT Cal. Item 170:       2680.000000
FT Cal. Item 171:       3500.000000
FT Cal. Item 172:       3500.000000
FT Cal. Item 173:       3500.000000
FT Cal. Item 174:       3500.000000
FT Cal. Item 175:       20.000000
FT Cal. Item 176:       20.000000
FT Cal. Item 177:       31.464102
FT Cal. Item 178:       31.464102
FT Cal. Item 179:       380.000000
FT Cal. Item 180:       380.000000
FT Cal. Item 181:       394.574295
FT Cal. Item 182:       394.574295
FT Cal. Item 183:       25.989864
FT Cal. Item 184:       0.000000
FT Cal. Item 185:       26.016393
FT Cal. Item 186:       0.000000
FT Cal. Item 187:       26.256608
FT Cal. Item 188:       -47.600000
FT Cal. Item 189:       -74.000000
FT Cal. Item 190:       50.000000
FT Cal. Item 191:       1381722.000000
FT Cal. Item 192:       1381722.000000
FT Cal. Item 193:       1381722.000000
FT Cal. Item 194:       1381722.000000
FT Cal. Item 195:       10070.000000
FT Cal. Item 196:       0.861195
FT Cal. Item 197:       0.950000
FT Cal. Item 198:       0.950000
FT Cal. Item 199:       5.000000
FT Cal. Item 200:       5.000000
FT Cal. Item 201:       9.000000
FT Cal. Item 202:       9.000000
FT Cal. Item 203:       0.500000
FT Cal. Item 204:       0.500000
FT Cal. Item 205:       0.000000
FT Cal. Item 206:       -50.000000
FT Cal. Item 207:       -516.960754
FT Cal. Item 208:       422.239227
FT Cal. Item 209:       -101.320824
FT Cal. Item 210:       7.878532
FT Cal. Item 211:       89.000000
FT Cal. Item 212:       100.000000
FT Cal. Item 213:       0.000000
FT Cal. Item 214:       1326100096.000000
FT Cal. Item 215:       -0.000000
```

```
FT Cal. Item 216:       1326100096.000000
FT Cal. Item 217:       -0.000000
FT Cal. Item 218:       1310547968.000000
FT Cal. Item 219:       0.000000
FT Cal. Item 220:       1310547968.000000
FT Cal. Item 221:       0.000000
FT Cal. Item 222:       0.000000
FT Cal. Item 223:       0.000000
FT Cal. Item 224:       0.000000
FT Cal. Item 225:       -0.000000
FT Cal. Item 226:       1326100096.000000
FT Cal. Item 227:       -0.000000
FT Cal. Item 228:       1310547968.000000
FT Cal. Item 229:       -0.000000
FT Cal. Item 230:       1326100096.000000
FT Cal. Item 231:       0.000000
FT Cal. Item 232:       1310547968.000000
FT Cal. Item 233:       0.000000
FT Cal. Item 234:       0.000000
FT Cal. Item 235:       0.000000
FT Cal. Item 236:       0.000000
FT Cal. Item 237:       0.000000
FT Cal. Item 238:       0.000000
FT Cal. Item 239:       0.000000
FT Cal. Item 240:       0.000000
FT Cal. Item 241:       42.000000
FT Cal. Item 242:       1.000000
FT Cal. Item 243:       1.000000
FT Cal. Item 244:       0.000000
FT Cal. Item 245:       27.000000
FT Cal. Item 246:       7329489.500000
FT Cal. Item 247:       0.000000
FT Cal. Item 248:       1430.000000
FT Cal. Item 249:       768.000000
FT Cal. Item 250:       1326100096.000000
FT Cal. Item 251:       11.000000
FT Cal. Item 252:       138.066193
FT Cal. Item 253:       586.310974
FT Cal. Item 254:       195.087646
FT Cal. Item 255:       493.238190
FT Cal. Item 256:       393.224487
FT Cal. Item 257:       347.416748
FT Cal. Item 258:       524.264954
FT Cal. Item 259:       300.881439
FT Cal. Item 260:       1121.997070
FT Cal. Item 261:       205.671783
FT Cal. Item 262:       1221.990601
FT Cal. Item 263:       197.077255
FT Cal. Item 264:       1321.984253
FT Cal. Item 265:       189.477325
FT Cal. Item 266:       1421.977905
FT Cal. Item 267:       182.693893
FT Cal. Item 268:       1521.971436
FT Cal. Item 269:       176.590485
FT Cal. Item 270:       1621.965088
FT Cal. Item 271:       171.060562
FT Cal. Item 272:       1721.958740
FT Cal. Item 273:       166.019623
FT Cal. Item 274:       1.000000
FT Cal. Item 275:       1.000000
FT Cal. Item 276:       1.000000
FT Cal. Item 277:       27.000000
FT Cal. Item 278:       9008298.000000
```

```
FT Cal. Item 279:       0.000000
FT Cal. Item 280:       2300.000000
FT Cal. Item 281:       768.000000
FT Cal. Item 282:       1310547968.000000
FT Cal. Item 283:       8.000000
FT Cal. Item 284:       265.147888
FT Cal. Item 285:       423.080078
FT Cal. Item 286:       514.284424
FT Cal. Item 287:       303.784149
FT Cal. Item 288:       1279.997192
FT Cal. Item 289:       192.557999
FT Cal. Item 290:       1379.990845
FT Cal. Item 291:       185.450394
FT Cal. Item 292:       1479.984497
FT Cal. Item 293:       179.075851
FT Cal. Item 294:       1579.978027
FT Cal. Item 295:       173.316528
FT Cal. Item 296:       1679.971680
FT Cal. Item 297:       168.079437
FT Cal. Item 298:       1779.965332
FT Cal. Item 299:       163.290131
FT Cal. Item 300:       0.000000
FT Cal. Item 301:       100010.000000
FT Cal. Item 302:       2093.382568
FT Cal. Item 303:       -1151.968506
FT Cal. Item 304:       210.585266
FT Cal. Item 305:       -12.507261
FT Cal. Item 306:       100011.000000
FT Cal. Item 307:       0.300000
FT Cal. Item 308:       0.300000
FT Cal. Item 309:       0.000000
FT Cal. Item 310:       0.000000
FT Cal. Item 311:       0.000000
FT Cal. Item 312:       0.000000
FT Cal. Item 313:       0.000000
FT Cal. Item 314:       0.000000
FT Cal. Item 315:       0.000000
FT Cal. Item 316:       0.000000
FT Cal. Item 317:       0.000000
FT Cal. Item 318:       0.000000
FT Cal. Item 319:       0.000000
FT Cal. Item 320:       0.000000
FT Cal. Item 321:       0.000000
FT Cal. Item 322:       0.000000
FT Cal. Item 323:       0.000000
FT Cal. Item 324:       0.000000
FT Cal. Item 325:       0.000000
FT Cal. Item 326:       0.000000
FT Cal. Item 327:       0.000000
FT Cal. Item 328:       0.000000
FT Cal. Item 329:       0.000000
FT Cal. Item 330:       0.000000
FT Cal. Item 331:       0.000000
FT Cal. Item 332:       0.000000
FT Cal. Item 333:       0.000000
FT Cal. Item 334:       0.000000
FT Cal. Item 335:       0.000000
FT Cal. Item 336:       0.000000
FT Cal. Item 337:       0.000000
FT Cal. Item 338:       0.000000
FT Cal. Item 339:       0.000000
FT Cal. Item 340:       0.000000
FT Cal. Item 341:       0.000000
```

```
FT Cal. Item 342:       0.000000
FT Cal. Item 343:       0.000000
FT Cal. Item 344:       0.000000
FT Cal. Item 345:       0.000000
FT Cal. Item 346:       0.000000
FT Cal. Item 347:       0.000000
FT Cal. Item 348:       0.000000
FT Cal. Item 349:       0.000000
FT Cal. Item 350:       0.000000
FT Cal. Item 351:       0.000000
FT Cal. Item 352:       0.000000
FT Cal. Item 353:       0.000000
FT Cal. Item 354:       0.000000
FT Cal. Item 355:       0.000000
FT Cal. Item 356:       0.000000
FT Cal. Item 357:       0.000000
FT Cal. Item 358:       0.000000
FT Cal. Item 359:       0.000000
FT Cal. Item 360:       0.000000
FT Cal. Item 361:       0.000000
FT Cal. Item 362:       0.000000
FT Cal. Item 363:       0.000000
FT Cal. Item 364:       0.000000
FT Cal. Item 365:       0.000000
FT Cal. Item 366:       0.000000
FT Cal. Item 367:       0.000000
FT Cal. Item 368:       0.000000
FT Cal. Item 369:       0.000000
FT Cal. Item 370:       0.000000
FT Cal. Item 371:       0.000000
FT Cal. Item 372:       0.000000
FT Cal. Item 373:       0.000000
FT Cal. Item 374:       0.000000
FT Cal. Item 375:       0.000000
FT Cal. Item 376:       0.000000
FT Cal. Item 377:       0.000000
FT Cal. Item 378:       0.000000
FT Cal. Item 379:       0.000000
FT Cal. Item 380:       0.000000
FT Cal. Item 381:       0.000000
FT Cal. Item 382:       0.000000
FT Cal. Item 383:       0.000000
FT Cal. Item 384:       0.000000
FT Cal. Item 385:       0.000000
FT Cal. Item 386:       0.000000
FT Cal. Item 387:       0.000000
FT Cal. Item 388:       0.000000
FT Cal. Item 389:       0.000000
FT Cal. Item 390:       0.000000
FT Cal. Item 391:       0.000000
FT Cal. Item 392:       0.000000
FT Cal. Item 393:       0.000000
FT Cal. Item 394:       0.000000
FT Cal. Item 395:       0.000000
FT Cal. Item 396:       0.000000
FT Cal. Item 397:       0.000000
FT Cal. Item 398:       0.000000
FT Cal. Item 399:       0.000000
FT Cal. Item 400:       0.000000
FT Cal. Item 401:       0.000000
FT Cal. Item 402:       0.000000
FT Cal. Item 403:       0.000000
FT Cal. Item 404:       0.000000
```

```
FT Cal. Item 405:       0.000000
FT Cal. Item 406:       0.000000
FT Cal. Item 407:       0.000000
FT Cal. Item 408:       0.000000
FT Cal. Item 409:       0.000000
FT Cal. Item 410:       0.000000
FT Cal. Item 411:       0.000000
FT Cal. Item 412:       0.000000
FT Cal. Item 413:       0.000000
FT Cal. Item 414:       0.000000
FT Cal. Item 415:       0.000000
FT Cal. Item 416:       0.000000
FT Cal. Item 417:       0.000000
FT Cal. Item 418:       0.000000
FT Cal. Item 419:       0.000000
FT Cal. Item 420:       0.000000
FT Cal. Item 421:       0.000000
FT Cal. Item 422:       0.000000
FT Cal. Item 423:       0.000000
FT Cal. Item 424:       0.000000
FT Cal. Item 425:       0.000000
FT Cal. Item 426:       0.000000
FT Cal. Item 427:       0.000000
FT Cal. Item 428:       0.000000
FT Cal. Item 429:       0.000000
FT Cal. Item 430:       0.000000
FT Cal. Item 431:       0.000000
FT Cal. Item 432:       0.000000
FT Cal. Item 433:       0.000000
FT Cal. Item 434:       0.000000
FT Cal. Item 435:       0.000000
FT Cal. Item 436:       0.000000
FT Cal. Item 437:       0.000000
FT Cal. Item 438:       0.000000
FT Cal. Item 439:       0.000000
FT Cal. Item 440:       0.000000
FT Cal. Item 441:       0.000000
FT Cal. Item 442:       0.000000
FT Cal. Item 443:       0.000000
FT Cal. Item 444:       0.000000
FT Cal. Item 445:       0.000000
FT Cal. Item 446:       0.000000
FT Cal. Item 447:       0.000000
FT Cal. Item 448:       0.000000
FT Cal. Item 449:       0.000000
FT Cal. Item 450:       0.000000
FT Cal. Item 451:       0.000000
FT Cal. Item 452:       0.000000
FT Cal. Item 453:       0.000000
FT Cal. Item 454:       0.000000
FT Cal. Item 455:       0.000000
FT Cal. Item 456:       0.000000
FT Cal. Item 457:       0.000000
FT Cal. Item 458:       0.000000
FT Cal. Item 459:       0.000000
FT Cal. Item 460:       0.000000
FT Cal. Item 461:       0.000000
FT Cal. Item 462:       0.000000
FT Cal. Item 463:       0.000000
FT Cal. Item 464:       0.000000
FT Cal. Item 465:       0.000000
FT Cal. Item 466:       0.000000
FT Cal. Item 467:       0.000000
```

FT Cal. Item 468:	0.000000
FT Cal. Item 469:	0.000000
FT Cal. Item 470:	0.000000
FT Cal. Item 471:	0.000000
FT Cal. Item 472:	0.000000
FT Cal. Item 473:	0.000000
FT Cal. Item 474:	0.000000
FT Cal. Item 475:	0.000000
FT Cal. Item 476:	0.000000
FT Cal. Item 477:	0.000000
FT Cal. Item 478:	0.000000
FT Cal. Item 479:	0.000000
FT Cal. Item 480:	0.000000
FT Cal. Item 481:	0.000000
FT Cal. Item 482:	0.000000
FT Cal. Item 483:	0.000000
FT Cal. Item 484:	0.000000
FT Cal. Item 485:	0.000000
FT Cal. Item 486:	0.000000
FT Cal. Item 487:	0.000000
FT Cal. Item 488:	0.000000
FT Cal. Item 489:	0.000000
FT Cal. Item 490:	0.000000
FT Cal. Item 491:	0.000000
FT Cal. Item 492:	0.000000
FT Cal. Item 493:	0.000000
FT Cal. Item 494:	0.000000
FT Cal. Item 495:	0.000000
FT Cal. Item 496:	0.000000
FT Cal. Item 497:	0.000000
FT Cal. Item 498:	0.000000
FT Cal. Item 499:	0.000000
FT Cal. Item 500:	0.000000

MS-Log-Datei C2

Creator: LTQ VELOS
Last modified: 12/29/2011 by LTQ VELOS

MS Run Time (min): 170.00

Sequence override of method parameters not enabled.

Divert Valve: not used during run

Contact Closure: not used during run

Syringe Pump: not used during run

MS Detector Settings:

Real-time modifications to method enabled

Stepped collision energy not enabled

Additional Microscans:

MS2	0	0
MS3	0	0
MS4	0	0
MS5	0	0
MS6	0	0
MS7	0	0
MS8	0	0
MS9	0	0
MS10	0	0

Experiment Type: Nth Order Double Play

Tune Method: NSI_PM28122011_500ms_200ms

Scan Event Details:
 1: FTMS + p norm o(400.0-1850.0)
       CV = 0.0V
 2: ITMS + c norm Dep Wideband MS/MS Most intense ion from (1)
       Activation Type: CID
       Min. Signal Required: 1000.0
       Isolation Width: 2.00
       Normalized Coll. Energy: 35.0
       Default Charge State: 2
       Activation Q: 0.250
       Activation Time: 10.000
       CV = 0.0V
Scan Event 2 repeated for top 20 peaks.

Lock Masses:
   Pos List Name: lock
          Source: API Source
       Mass List: 445.120024
   Neg List Name: N/A
          Source: API Source
       Mass List: (none)

Data Dependent Settings:
       Use separate polarity settings disabled
       Parent Mass List: (none)
       Reject Mass List: (none)
       Neutral Loss Mass List: (none)

```
        Product Mass List:           (none)
        Neutral loss in top:         3
        Product in top:              3
        Most intense if no parent masses found not enabled
        Add/subtract mass not enabled
        FT master scan preview mode enabled
        Charge state screening enabled
        Charge state dependent ETD time not enabled
        Monoisotopic precursor selection enabled
        Non-peptide monoisotopic recognition enabled
        Charge state rejection enabled
          Unassigned charge states : rejected
                    Charge state 1 : rejected
                    Charge state 2 : not rejected
                    Charge state 3 : not rejected
                    Charge states 4+ : not rejected
        Chromatography mode is disabled


Global Data Dependent Settings:
        Predict ion injection time enabled
        Use global parent and reject mass lists not enabled
        Exclude parent mass from data dependent selection not enabled
        Exclusion mass width relative to mass
        Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
        Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
        Parent mass width by mass
        Parent mass width low:  0.50000
        Parent mass width high: 0.50000
        Reject mass width relative to mass
        Reject mass width relative to low (ppm):  10.000
        Reject mass width relative to high (ppm): 10.000
        Zoom/UltraZoom scan mass width by mass
        Zoom/UltraZoom scan mass width low:  5.00
        Zoom/UltraZoom scan mass width high: 5.00
        FT SIM scan mass width low:          5.00
        FT SIM scan mass width high:         5.00
        Neutral Loss candidates processed by decreasing intensity
        Neutral Loss mass width by mass
        Neutral Loss mass width low:  0.50000
        Neutral Loss mass width high: 0.50000
        Product candidates processed by decreasing intensity
        Product mass width by mass
        Product mass width low:  0.50000
        Product mass width high: 0.50000
        MS mass range:  0.00-1000000.00
        MSn mass range by mass
        MSn mass range:  0.00-1000000.00
        Use m/z values as masses not enabled
        Analog UV data dep. not enabled
        Dynamic exclusion enabled
                Repeat Count:          1
                Repeat Duration:       30.00
                Exclusion List Size:   500
                Exclusion Duration:    40.00
                Exclusion mass width relative to mass
                Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
                Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
                        Expiration:    disabled
        Isotopic data dependence not enabled


Custom Data Dependent Settings:
```

Not enabled

Thermo EASY nLC

Sample pickup:
Volume [µl] : 6.00
Flow [µl / min] : 20.00

Sample loading:
Volume [µl] : 20.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Gradient:

Time [mm:ss]	Duration [mm:ss]	Flow [nl/min]	Mixture [%B]
00:00	00:00	300	5
150:00	150:00	300	40
160:00	10:00	300	80
170:00	10:00	300	80

Pre-column equilibration:
Volume [µl] : 12.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Analytical column equilibration:
Volume [µl] : 3.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Auto-sampler wash:

Order	Source	Volume [µl]	Cycles
1	Bottle 1	28.00	1

MS-Log-Datei C3

Tune File Values
Source Type: NSI
Capillary Temp (C): 275.00
APCI Vaporizer Temp (C): 0.00
Sheath Gas Flow (): 0.00
Aux Gas Flow (): 0.00
Sweep Gas Flow (): 0.00
Injection Waveforms: On
Ion Trap Zoom AGC Target: 3000.00
Ion Trap Full AGC Target: 30000.00
Ion Trap SIM AGC Target: 10000.00
Ion Trap MSn AGC Target: 10000.00
FTMS Injection Waveforms: On
FTMS Full AGC Target: 1000000.00
FTMS SIM AGC Target: 100000.00
FTMS MSn AGC Target: 50000.00

POSITIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.90
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 50.00
Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): -2.00
Lens 0 Voltage (V): -3.00
Multipole 0 Offset (V): -9.00
Lens 1 Voltage (V): -15.00
Gate Lens Offset (V): -90.00
Multipole 1 Offset (V): -20.00
Front Lens (V): -8.60
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 200.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

NEGATIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.50
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 60.00

Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): 4.00
Lens 0 Voltage (V): 4.20
Multipole 0 Offset (V): 7.50
Lens 1 Voltage (V): 15.00
Gate Lens Offset (V): 90.00
Multipole 1 Offset (V): 6.00
Front Lens (V): 6.25
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 10.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 100.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 10.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

Calibration File Values
Multiple RF Frequency: 3004.600000
Main RF Frequency: 1151.899700
QMSlope0: 34.642054
QMSlope1: 34.899698
QMSlope2: 34.399709
QMSlope3: 0.000000
QMSlope4: 0.000000
QMInt0: -18.245405
QMInt1: -41.213027
QMInt2: -16.645953
QMInt3: 0.000000
QMInt4: 0.000000
End Section Slope: 0.000000
End Section Int: 12.000000
PQD CE Factor: 8.864862
IsoW Slope: 0.000031
IsoW Int: 0.544371
Tickle Amp. Slope0: 0.000036
Tickle Amp. Int0: 0.015674
Tickle Amp. Slope1: 0.002000
Tickle Amp. Int1: 0.400000
Tickle Amp. Slope2: 0.002000
Tickle Amp. Int2: 0.400000
Tickle Amp. Slope3: 0.002000
Tickle Amp. Int3: 0.400000
Multiplier 1 Normal Gain (pos): -1802.187500

Multiplier 1 High Gain (pos):   -2027.187500
Multiplier 2 Normal Gain (pos): -1715.312500
Multiplier 2 High Gain (pos):   -1917.812500
Multiplier 1 Normal Gain (neg): -1495.312500
Multiplier 1 High Gain (neg):   -1633.437500
Multiplier 2 Normal Gain (neg): -1485.937500
Multiplier 2 High Gain (neg):   -1642.187500
Res. Eject Slope[0][0]: 0.021654
Res. Eject Intercept[0][0]:   0.877121
Res. Eject Slope[0][1]: 0.016084
Res. Eject Intercept[0][1]:   1.601217
Res. Eject Slope[0][2]: 0.014053
Res. Eject Intercept[0][2]:   2.027773
Res. Eject Slope[0][3]: 0.012965
Res. Eject Intercept[0][3]:   2.343204
Res. Eject Slope[0][4]: 0.012278
Res. Eject Intercept[0][4]:   2.597260
Res. Eject Slope[0][5]: 0.011802
Res. Eject Intercept[0][5]:   2.811621
Res. Eject Slope[0][6]: 0.011450
Res. Eject Intercept[0][6]:   2.997929
Res. Eject Slope[0][7]: 0.011179
Res. Eject Intercept[0][7]:   3.163234
Res. Eject Slope[0][8]: 0.010964
Res. Eject Intercept[0][8]:   3.312161
Res. Eject Slope[0][9]: 0.010787
Res. Eject Intercept[0][9]:   3.447919
Res. Eject Slope[0][10]:   0.010640
Res. Eject Intercept[0][10]:   3.572838
Res. Eject Slope[0][11]:   0.010516
Res. Eject Intercept[0][11]:   3.688662
Res. Eject Slope[0][12]:   0.010409
Res. Eject Intercept[0][12]:   3.796736
Res. Eject Slope[0][13]:   0.010275
Res. Eject Intercept[0][13]:   3.942624
Res. Eject Slope[0][14]:   0.010061
Res. Eject Intercept[0][14]:   4.209768
Res. Eject Slope[0][15]:   0.009845
Res. Eject Intercept[0][15]:   4.555708
Res. Eject Slope[0][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][0]: 0.008229
Res. Eject Intercept[1][0]:   0.291140
Res. Eject Slope[1][1]: 0.007567
Res. Eject Intercept[1][1]:   0.382573
Res. Eject Slope[1][2]: 0.005244
Res. Eject Intercept[1][2]:   0.835746
Res. Eject Slope[1][3]: 0.005592
Res. Eject Intercept[1][3]:   0.653111
Res. Eject Slope[1][4]: 0.004899
Res. Eject Intercept[1][4]:   1.362089
Res. Eject Slope[1][5]: 0.004280
Res. Eject Intercept[1][5]:   2.241108
Res. Eject Slope[1][6]: 0.004717
Res. Eject Intercept[1][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][7]: 0.004577
Res. Eject Intercept[1][7]:   0.000000

Res. Eject Slope[1][8]: 0.004475
Res. Eject Intercept[1][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][9]: 0.004396
Res. Eject Intercept[1][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][0]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][0]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][1]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][1]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][2]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][2]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][3]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][3]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][4]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][4]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][5]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][5]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][6]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][19]:   0.000000

Res. Eject Intercept[2][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][0]: 0.032979
Res. Eject Intercept[3][0]:   1.865470
Res. Eject Slope[3][1]: 0.022893
Res. Eject Intercept[3][1]:   3.176678
Res. Eject Slope[3][2]: 0.019215
Res. Eject Intercept[3][2]:   3.949096
Res. Eject Slope[3][3]: 0.017245
Res. Eject Intercept[3][3]:   4.520285
Res. Eject Slope[3][4]: 0.016002
Res. Eject Intercept[3][4]:   4.980334
Res. Eject Slope[3][5]: 0.015139
Res. Eject Intercept[3][5]:   5.368504
Res. Eject Slope[3][6]: 0.014503
Res. Eject Intercept[3][6]:   5.705875
Res. Eject Slope[3][7]: 0.014012
Res. Eject Intercept[3][7]:   6.005213
Res. Eject Slope[3][8]: 0.013621
Res. Eject Intercept[3][8]:   6.274892
Res. Eject Slope[3][9]: 0.013302
Res. Eject Intercept[3][9]:   6.520727
Res. Eject Slope[3][10]:   0.013036
Res. Eject Intercept[3][10]:   6.746933
Res. Eject Slope[3][11]:   0.012810
Res. Eject Intercept[3][11]:   6.956669
Res. Eject Slope[3][12]:   0.012617
Res. Eject Intercept[3][12]:   7.152371
Res. Eject Slope[3][13]:   0.012374
Res. Eject Intercept[3][13]:   7.416548
Res. Eject Slope[3][14]:   0.011987
Res. Eject Intercept[3][14]:   7.900299
Res. Eject Slope[3][15]:   0.011596
Res. Eject Intercept[3][15]:   8.526735
Res. Eject Slope[3][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][0]: 0.013600
Res. Eject Intercept[4][0]:   14.750000
Res. Eject Slope[4][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][1]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][2]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][3]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][4]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][5]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[4][10]:   0.000000

Res. Eject Slope[4][11]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][11]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][12]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][12]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][13]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][13]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][0]: 0.001790
Res. Eject Intercept[5][0]: 7.570000
Res. Eject Slope[5][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][1]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][2]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][3]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][4]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][5]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][6]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][7]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][8]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][9]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][10]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][10]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][11]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][11]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][12]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][12]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][13]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][13]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[6][0]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][0]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][1]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][1]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][2]: 0.004170

Res. Eject Intercept[6][2]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][3]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][3]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][4]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][4]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][5]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][5]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][6]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][0]: 0.000242
Res. Eject Intercept[7][0]:   0.497958
Res. Eject Slope[7][1]: 0.000267
Res. Eject Intercept[7][1]:   0.494618
Res. Eject Slope[7][2]: 0.000344
Res. Eject Intercept[7][2]:   0.479564
Res. Eject Slope[7][3]: 0.000549
Res. Eject Intercept[7][3]:   0.371934
Res. Eject Slope[7][4]: 0.000749
Res. Eject Intercept[7][4]:   0.128023
Res. Eject Slope[7][5]: 0.000869
Res. Eject Intercept[7][5]:   -0.054620
Res. Eject Slope[7][6]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][6]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][7]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][7]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][8]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][8]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][9]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][9]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][13]:   0.000000

```
Res. Eject Slope[7][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][0]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][0]:     0.600000
Res. Eject Slope[8][1]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][1]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][2]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][2]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][3]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][3]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][4]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][4]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][5]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][5]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][6]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][6]:     0.800000
Res. Eject Slope[8][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][10]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][10]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][11]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][11]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][12]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][12]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][13]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][13]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][0]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][0]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][1]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][2]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][3]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][4]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][5]: 0.000000
```

```
Res. Eject Intercept[9][5]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][6]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][10]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][10]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][11]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][11]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][12]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][12]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][13]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][13]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][0]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][0]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][1]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][1]:    3.000000
Res. Eject Slope[10][2]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][2]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][3]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][3]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][4]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][4]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][5]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][5]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][6]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][6]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][7]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][7]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][8]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][8]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][9]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][9]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][10]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][11]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][12]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][13]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][14]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][15]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][16]:   0.000000
```

```
Res. Eject Slope[10][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][0]:        0.014756
Res. Eject Intercept[11][0]:    0.326730
Res. Eject Slope[11][1]:        0.010659
Res. Eject Intercept[11][1]:    0.859316
Res. Eject Slope[11][2]:        0.009165
Res. Eject Intercept[11][2]:    1.173056
Res. Eject Slope[11][3]:        0.008365
Res. Eject Intercept[11][3]:    1.405061
Res. Eject Slope[11][4]:        0.007860
Res. Eject Intercept[11][4]:    1.591924
Res. Eject Slope[11][5]:        0.007510
Res. Eject Intercept[11][5]:    1.749591
Res. Eject Slope[11][6]:        0.007251
Res. Eject Intercept[11][6]:    1.886624
Res. Eject Slope[11][7]:        0.007052
Res. Eject Intercept[11][7]:    2.008209
Res. Eject Slope[11][8]:        0.006893
Res. Eject Intercept[11][8]:    2.117747
Res. Eject Slope[11][9]:        0.006763
Res. Eject Intercept[11][9]:    2.217600
Res. Eject Slope[11][10]:       0.006655
Res. Eject Intercept[11][10]:   2.309480
Res. Eject Slope[11][11]:       0.006564
Res. Eject Intercept[11][11]:   2.394670
Res. Eject Slope[11][12]:       0.006485
Res. Eject Intercept[11][12]:   2.474161
Res. Eject Slope[11][13]:       0.006387
Res. Eject Intercept[11][13]:   2.581464
Res. Eject Slope[11][14]:       0.006229
Res. Eject Intercept[11][14]:   2.777953
Res. Eject Slope[11][15]:       0.006070
Res. Eject Intercept[11][15]:   3.032399
Res. Eject Slope[11][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][0]:        0.027762
Res. Eject Intercept[12][0]:    1.226870
Res. Eject Slope[12][1]:        0.019847
Res. Eject Intercept[12][1]:    2.255759
Res. Eject Slope[12][2]:        0.016961
Res. Eject Intercept[12][2]:    2.861866
Res. Eject Slope[12][3]:        0.015416
Res. Eject Intercept[12][3]:    3.310070
Res. Eject Slope[12][4]:        0.014440
Res. Eject Intercept[12][4]:    3.671065
Res. Eject Slope[12][5]:        0.013763
Res. Eject Intercept[12][5]:    3.975658
Res. Eject Slope[12][6]:        0.013264
Res. Eject Intercept[12][6]:    4.240388
Res. Eject Slope[12][7]:        0.012879
Res. Eject Intercept[12][7]:    4.475275
Res. Eject Slope[12][8]:        0.012572
```

```
Res. Eject Intercept[12][8]:    4.686889
Res. Eject Slope[12][9]:        0.012321
Res. Eject Intercept[12][9]:    4.879793
Res. Eject Slope[12][10]:       0.012113
Res. Eject Intercept[12][10]:   5.057294
Res. Eject Slope[12][11]:       0.011936
Res. Eject Intercept[12][11]:   5.221871
Res. Eject Slope[12][12]:       0.011784
Res. Eject Intercept[12][12]:   5.375436
Res. Eject Slope[12][13]:       0.011593
Res. Eject Intercept[12][13]:   5.582733
Res. Eject Slope[12][14]:       0.011290
Res. Eject Intercept[12][14]:   5.962326
Res. Eject Slope[12][15]:       0.010982
Res. Eject Intercept[12][15]:   6.453882
Res. Eject Slope[12][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][19]:   0.000000
Mass Slope[0][0]:       27.143131
Mass Intercept[0][0]:   60.152850
Mass Slope[0][1]:       27.132542
Mass Intercept[0][1]:   61.529417
Mass Slope[0][2]:       27.123800
Mass Intercept[0][2]:   63.365202
Mass Slope[0][3]:       27.116583
Mass Intercept[0][3]:   65.458104
Mass Slope[0][4]:       27.110625
Mass Intercept[0][4]:   67.662559
Mass Slope[0][5]:       27.105707
Mass Intercept[0][5]:   69.875962
Mass Slope[0][6]:       27.101646
Mass Intercept[0][6]:   72.028111
Mass Slope[0][7]:       27.098294
Mass Intercept[0][7]:   74.073024
Mass Slope[0][8]:       27.095526
Mass Intercept[0][8]:   75.982625
Mass Slope[0][9]:       27.093241
Mass Intercept[0][9]:   77.741896
Mass Slope[0][10]:      27.091355
Mass Intercept[0][10]:  79.345177
Mass Slope[0][11]:      27.089798
Mass Intercept[0][11]:  80.793355
Mass Slope[0][12]:      27.088512
Mass Intercept[0][12]:  82.091756
Mass Slope[0][13]:      27.087013
Mass Intercept[0][13]:  83.726076
Mass Slope[0][14]:      27.084975
Mass Intercept[0][14]:  86.273783
Mass Slope[0][15]:      27.083474
Mass Intercept[0][15]:  88.674488
Mass Slope[0][16]:      0.000000
Mass Intercept[0][16]:  0.000000
Mass Slope[0][17]:      0.000000
Mass Intercept[0][17]:  0.000000
Mass Slope[0][18]:      0.000000
Mass Intercept[0][18]:  0.000000
Mass Slope[0][19]:      0.000000
Mass Intercept[0][19]:  0.000000
```

```
Mass Slope[1][0]:       27.087607
Mass Intercept[1][0]:   -12.326254
Mass Slope[1][1]:       27.087283
Mass Intercept[1][1]:   -12.281565
Mass Slope[1][2]:       27.110527
Mass Intercept[1][2]:   -16.816088
Mass Slope[1][3]:       27.098372
Mass Intercept[1][3]:   -10.443593
Mass Slope[1][4]:       27.105785
Mass Intercept[1][4]:   -18.020152
Mass Slope[1][5]:       27.110587
Mass Intercept[1][5]:   -24.848249
Mass Slope[1][6]:       27.110587
Mass Intercept[1][6]:   -24.848249
Mass Slope[1][7]:       27.108190
Mass Intercept[1][7]:   -7.967609
Mass Slope[1][8]:       27.108190
Mass Intercept[1][8]:   -7.967609
Mass Slope[1][9]:       27.108190
Mass Intercept[1][9]:   -7.967609
Mass Slope[1][10]:      27.108190
Mass Intercept[1][10]:  -7.967609
Mass Slope[1][11]:      27.108190
Mass Intercept[1][11]:  -7.967609
Mass Slope[1][12]:      27.108190
Mass Intercept[1][12]:  -7.967609
Mass Slope[1][13]:      27.108190
Mass Intercept[1][13]:  -7.967609
Mass Slope[1][14]:      27.108190
Mass Intercept[1][14]:  -7.967609
Mass Slope[1][15]:      27.108190
Mass Intercept[1][15]:  -7.967609
Mass Slope[1][16]:      0.000000
Mass Intercept[1][16]:  0.000000
Mass Slope[1][17]:      0.000000
Mass Intercept[1][17]:  0.000000
Mass Slope[1][18]:      0.000000
Mass Intercept[1][18]:  0.000000
Mass Slope[1][19]:      0.000000
Mass Intercept[1][19]:  0.000000
Mass Slope[2][0]:       13.629785
Mass Intercept[2][0]:   1.700831
Mass Slope[2][1]:       13.592633
Mass Intercept[2][1]:   24.132735
Mass Slope[2][2]:       13.586477
Mass Intercept[2][2]:   32.854994
Mass Slope[2][3]:       13.578582
Mass Intercept[2][3]:   51.980081
Mass Slope[2][4]:       13.582703
Mass Intercept[2][4]:   40.082899
Mass Slope[2][5]:       13.587413
Mass Intercept[2][5]:   24.295927
Mass Slope[2][6]:       3.111961
Mass Intercept[2][6]:   0.000000
Mass Slope[2][7]:       0.000000
Mass Intercept[2][7]:   0.000000
Mass Slope[2][8]:       0.000000
Mass Intercept[2][8]:   0.000000
Mass Slope[2][9]:       0.000000
Mass Intercept[2][9]:   0.000000
Mass Slope[2][10]:      0.000000
Mass Intercept[2][10]:  0.000000
Mass Slope[2][11]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[2][11]:  0.000000
Mass Slope[2][12]:      0.000000
Mass Intercept[2][12]:  0.000000
Mass Slope[2][13]:      0.000000
Mass Intercept[2][13]:  0.000000
Mass Slope[2][14]:      0.000000
Mass Intercept[2][14]:  0.000000
Mass Slope[2][15]:      0.000000
Mass Intercept[2][15]:  0.000000
Mass Slope[2][16]:      0.000000
Mass Intercept[2][16]:  0.000000
Mass Slope[2][17]:      0.000000
Mass Intercept[2][17]:  0.000000
Mass Slope[2][18]:      0.000000
Mass Intercept[2][18]:  0.000000
Mass Slope[2][19]:      0.000000
Mass Intercept[2][19]:  0.000000
Mass Slope[3][0]:       27.353119
Mass Intercept[3][0]:   236.805897
Mass Slope[3][1]:       27.242894
Mass Intercept[3][1]:   251.135095
Mass Slope[3][2]:       27.202698
Mass Intercept[3][2]:   259.576261
Mass Slope[3][3]:       27.181174
Mass Intercept[3][3]:   265.818346
Mass Slope[3][4]:       27.167586
Mass Intercept[3][4]:   270.845873
Mass Slope[3][5]:       27.158159
Mass Intercept[3][5]:   275.087890
Mass Slope[3][6]:       27.151203
Mass Intercept[3][6]:   278.774757
Mass Slope[3][7]:       27.145840
Mass Intercept[3][7]:   282.045996
Mass Slope[3][8]:       27.141569
Mass Intercept[3][8]:   284.993115
Mass Slope[3][9]:       27.138080
Mass Intercept[3][9]:   287.679657
Mass Slope[3][10]:      27.135172
Mass Intercept[3][10]:  290.151685
Mass Slope[3][11]:      27.132707
Mass Intercept[3][11]:  292.443734
Mass Slope[3][12]:      27.130590
Mass Intercept[3][12]:  294.582414
Mass Slope[3][13]:      27.127941
Mass Intercept[3][13]:  297.469402
Mass Slope[3][14]:      27.123712
Mass Intercept[3][14]:  302.755944
Mass Slope[3][15]:      27.119433
Mass Intercept[3][15]:  309.601787
Mass Slope[3][16]:      0.000000
Mass Intercept[3][16]:  0.000000
Mass Slope[3][17]:      0.000000
Mass Intercept[3][17]:  0.000000
Mass Slope[3][18]:      0.000000
Mass Intercept[3][18]:  0.000000
Mass Slope[3][19]:      0.000000
Mass Intercept[3][19]:  0.000000
Mass Slope[4][0]:       27.242894
Mass Intercept[4][0]:   251.135095
Mass Slope[4][1]:       27.706259
Mass Intercept[4][1]:   192.039514
Mass Slope[4][2]:       27.706259
Mass Intercept[4][2]:   192.039514
```

```
Mass Slope[4][3]:       27.706259
Mass Intercept[4][3]:   192.039514
Mass Slope[4][4]:       27.706259
Mass Intercept[4][4]:   192.039514
Mass Slope[4][5]:       27.706259
Mass Intercept[4][5]:   192.039514
Mass Slope[4][6]:       0.000000
Mass Intercept[4][6]:   0.000000
Mass Slope[4][7]:       0.000000
Mass Intercept[4][7]:   0.000000
Mass Slope[4][8]:       0.000000
Mass Intercept[4][8]:   0.000000
Mass Slope[4][9]:       0.000000
Mass Intercept[4][9]:   0.000000
Mass Slope[4][10]:      0.000000
Mass Intercept[4][10]:  0.000000
Mass Slope[4][11]:      0.000000
Mass Intercept[4][11]:  0.000000
Mass Slope[4][12]:      0.000000
Mass Intercept[4][12]:  0.000000
Mass Slope[4][13]:      0.000000
Mass Intercept[4][13]:  0.000000
Mass Slope[4][14]:      0.000000
Mass Intercept[4][14]:  0.000000
Mass Slope[4][15]:      0.000000
Mass Intercept[4][15]:  0.000000
Mass Slope[4][16]:      0.000000
Mass Intercept[4][16]:  0.000000
Mass Slope[4][17]:      0.000000
Mass Intercept[4][17]:  0.000000
Mass Slope[4][18]:      0.000000
Mass Intercept[4][18]:  0.000000
Mass Slope[4][19]:      0.000000
Mass Intercept[4][19]:  0.000000
Mass Slope[5][0]:       13.717664
Mass Intercept[5][0]:   -18.239243
Mass Slope[5][1]:       13.760062
Mass Intercept[5][1]:   -34.076489
Mass Slope[5][2]:       13.760062
Mass Intercept[5][2]:   -34.076489
Mass Slope[5][3]:       13.760062
Mass Intercept[5][3]:   -34.076489
Mass Slope[5][4]:       13.760062
Mass Intercept[5][4]:   -34.076489
Mass Slope[5][5]:       13.760062
Mass Intercept[5][5]:   -34.076489
Mass Slope[5][6]:       0.000000
Mass Intercept[5][6]:   0.000000
Mass Slope[5][7]:       0.000000
Mass Intercept[5][7]:   0.000000
Mass Slope[5][8]:       0.000000
Mass Intercept[5][8]:   0.000000
Mass Slope[5][9]:       0.000000
Mass Intercept[5][9]:   0.000000
Mass Slope[5][10]:      0.000000
Mass Intercept[5][10]:  0.000000
Mass Slope[5][11]:      0.000000
Mass Intercept[5][11]:  0.000000
Mass Slope[5][12]:      0.000000
Mass Intercept[5][12]:  0.000000
Mass Slope[5][13]:      0.000000
Mass Intercept[5][13]:  0.000000
Mass Slope[5][14]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[5][14]:  0.000000
Mass Slope[5][15]:      0.000000
Mass Intercept[5][15]:  0.000000
Mass Slope[5][16]:      0.000000
Mass Intercept[5][16]:  0.000000
Mass Slope[5][17]:      0.000000
Mass Intercept[5][17]:  0.000000
Mass Slope[5][18]:      0.000000
Mass Intercept[5][18]:  0.000000
Mass Slope[5][19]:      0.000000
Mass Intercept[5][19]:  0.000000
Mass Slope[6][0]:       13.621208
Mass Intercept[6][0]:   -24.198645
Mass Slope[6][1]:       13.603959
Mass Intercept[6][1]:   -13.790723
Mass Slope[6][2]:       13.595642
Mass Intercept[6][2]:   -2.013268
Mass Slope[6][3]:       13.594836
Mass Intercept[6][3]:   -0.062694
Mass Slope[6][4]:       13.593545
Mass Intercept[6][4]:   3.665071
Mass Slope[6][5]:       13.594963
Mass Intercept[6][5]:   -1.087373
Mass Slope[6][6]:       0.000000
Mass Intercept[6][6]:   1.013668
Mass Slope[6][7]:       0.000000
Mass Intercept[6][7]:   0.000000
Mass Slope[6][8]:       0.000000
Mass Intercept[6][8]:   0.000000
Mass Slope[6][9]:       0.000000
Mass Intercept[6][9]:   0.000000
Mass Slope[6][10]:      0.000000
Mass Intercept[6][10]:  0.000000
Mass Slope[6][11]:      0.000000
Mass Intercept[6][11]:  0.000000
Mass Slope[6][12]:      0.000000
Mass Intercept[6][12]:  0.000000
Mass Slope[6][13]:      0.000000
Mass Intercept[6][13]:  0.000000
Mass Slope[6][14]:      0.000000
Mass Intercept[6][14]:  0.000000
Mass Slope[6][15]:      0.000000
Mass Intercept[6][15]:  0.000000
Mass Slope[6][16]:      0.000000
Mass Intercept[6][16]:  0.000000
Mass Slope[6][17]:      0.000000
Mass Intercept[6][17]:  0.000000
Mass Slope[6][18]:      0.000000
Mass Intercept[6][18]:  0.000000
Mass Slope[6][19]:      0.000000
Mass Intercept[6][19]:  0.000000
Mass Slope[7][0]:       27.131357
Mass Intercept[7][0]:   -28.062749
Mass Slope[7][1]:       27.113388
Mass Intercept[7][1]:   -25.779797
Mass Slope[7][2]:       27.136593
Mass Intercept[7][2]:   -30.051739
Mass Slope[7][3]:       27.138963
Mass Intercept[7][3]:   -31.268106
Mass Slope[7][4]:       27.135603
Mass Intercept[7][4]:   -27.871258
Mass Slope[7][5]:       27.133276
Mass Intercept[7][5]:   -24.587372
```

```
Mass Slope[7][6]:       27.137239
Mass Intercept[7][6]:   -30.203139
Mass Slope[7][7]:       27.108190
Mass Intercept[7][7]:   -12.967609
Mass Slope[7][8]:       27.108190
Mass Intercept[7][8]:   -12.967609
Mass Slope[7][9]:       27.108190
Mass Intercept[7][9]:   -12.967609
Mass Slope[7][10]:      27.108190
Mass Intercept[7][10]:  -12.967609
Mass Slope[7][11]:      27.108190
Mass Intercept[7][11]:  -12.967609
Mass Slope[7][12]:      27.108190
Mass Intercept[7][12]:  -12.967609
Mass Slope[7][13]:      27.108190
Mass Intercept[7][13]:  -12.967609
Mass Slope[7][14]:      27.108190
Mass Intercept[7][14]:  -12.967609
Mass Slope[7][15]:      27.108190
Mass Intercept[7][15]:  -12.967609
Mass Slope[7][16]:      0.000000
Mass Intercept[7][16]:  0.000000
Mass Slope[7][17]:      0.000000
Mass Intercept[7][17]:  0.000000
Mass Slope[7][18]:      0.000000
Mass Intercept[7][18]:  0.000000
Mass Slope[7][19]:      0.000000
Mass Intercept[7][19]:  0.000000
Mass Slope[8][0]:       13.614022
Mass Intercept[8][0]:   -24.785087
Mass Slope[8][1]:       13.611860
Mass Intercept[8][1]:   -23.480555
Mass Slope[8][2]:       13.611333
Mass Intercept[8][2]:   -22.735181
Mass Slope[8][3]:       13.612054
Mass Intercept[8][3]:   -24.481769
Mass Slope[8][4]:       13.612671
Mass Intercept[8][4]:   -26.261068
Mass Slope[8][5]:       13.613631
Mass Intercept[8][5]:   -29.477181
Mass Slope[8][6]:       0.000000
Mass Intercept[8][6]:   0.000000
Mass Slope[8][7]:       0.000000
Mass Intercept[8][7]:   0.000000
Mass Slope[8][8]:       0.000000
Mass Intercept[8][8]:   0.000000
Mass Slope[8][9]:       0.000000
Mass Intercept[8][9]:   0.000000
Mass Slope[8][10]:      0.000000
Mass Intercept[8][10]:  0.000000
Mass Slope[8][11]:      0.000000
Mass Intercept[8][11]:  0.000000
Mass Slope[8][12]:      0.000000
Mass Intercept[8][12]:  0.000000
Mass Slope[8][13]:      0.000000
Mass Intercept[8][13]:  0.000000
Mass Slope[8][14]:      0.000000
Mass Intercept[8][14]:  0.000000
Mass Slope[8][15]:      0.000000
Mass Intercept[8][15]:  0.000000
Mass Slope[8][16]:      0.000000
Mass Intercept[8][16]:  0.000000
Mass Slope[8][17]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[8][17]:  0.000000
Mass Slope[8][18]:      0.000000
Mass Intercept[8][18]:  0.000000
Mass Slope[8][19]:      0.000000
Mass Intercept[8][19]:  0.000000
Mass Slope[9][0]:       9.751034
Mass Intercept[9][0]:   1.015733
Mass Slope[9][1]:       9.751034
Mass Intercept[9][1]:   1.015733
Mass Slope[9][2]:       9.751034
Mass Intercept[9][2]:   1.015733
Mass Slope[9][3]:       9.751034
Mass Intercept[9][3]:   1.015733
Mass Slope[9][4]:       9.751034
Mass Intercept[9][4]:   1.015733
Mass Slope[9][5]:       9.751034
Mass Intercept[9][5]:   1.015733
Mass Slope[9][6]:       0.000000
Mass Intercept[9][6]:   1.013668
Mass Slope[9][7]:       0.000000
Mass Intercept[9][7]:   0.000000
Mass Slope[9][8]:       0.000000
Mass Intercept[9][8]:   0.000000
Mass Slope[9][9]:       0.000000
Mass Intercept[9][9]:   0.000000
Mass Slope[9][10]:      0.000000
Mass Intercept[9][10]:  0.000000
Mass Slope[9][11]:      0.000000
Mass Intercept[9][11]:  0.000000
Mass Slope[9][12]:      0.000000
Mass Intercept[9][12]:  0.000000
Mass Slope[9][13]:      0.000000
Mass Intercept[9][13]:  0.000000
Mass Slope[9][14]:      0.000000
Mass Intercept[9][14]:  0.000000
Mass Slope[9][15]:      0.000000
Mass Intercept[9][15]:  0.000000
Mass Slope[9][16]:      0.000000
Mass Intercept[9][16]:  0.000000
Mass Slope[9][17]:      0.000000
Mass Intercept[9][17]:  0.000000
Mass Slope[9][18]:      0.000000
Mass Intercept[9][18]:  0.000000
Mass Slope[9][19]:      0.000000
Mass Intercept[9][19]:  0.000000
Mass Slope[10][0]:      9.751034
Mass Intercept[10][0]:  1.015733
Mass Slope[10][1]:      9.751034
Mass Intercept[10][1]:  1.015733
Mass Slope[10][2]:      9.751034
Mass Intercept[10][2]:  1.015733
Mass Slope[10][3]:      9.751034
Mass Intercept[10][3]:  1.015733
Mass Slope[10][4]:      9.751034
Mass Intercept[10][4]:  1.015733
Mass Slope[10][5]:      9.751034
Mass Intercept[10][5]:  1.015733
Mass Slope[10][6]:      0.000000
Mass Intercept[10][6]:  0.000000
Mass Slope[10][7]:      0.000000
Mass Intercept[10][7]:  0.000000
Mass Slope[10][8]:      0.000000
Mass Intercept[10][8]:  0.000000
```

Mass Slope[10][9]:   0.000000
Mass Intercept[10][9]: 0.000000
Mass Slope[10][10]:   0.000000
Mass Intercept[10][10]: 0.000000
Mass Slope[10][11]:   0.000000
Mass Intercept[10][11]: 0.000000
Mass Slope[10][12]:   0.000000
Mass Intercept[10][12]: 0.000000
Mass Slope[10][13]:   0.000000
Mass Intercept[10][13]: 0.000000
Mass Slope[10][14]:   0.000000
Mass Intercept[10][14]: 0.000000
Mass Slope[10][15]:   0.000000
Mass Intercept[10][15]: 0.000000
Mass Slope[10][16]:   0.000000
Mass Intercept[10][16]: 0.000000
Mass Slope[10][17]:   0.000000
Mass Intercept[10][17]: 0.000000
Mass Slope[10][18]:   0.000000
Mass Intercept[10][18]: 0.000000
Mass Slope[10][19]:   0.000000
Mass Intercept[10][19]: 0.000000
Mass Slope[11][0]:   27.110715
Mass Intercept[11][0]: 8.250416
Mass Slope[11][1]:   27.107827
Mass Intercept[11][1]: 8.625822
Mass Slope[11][2]:   27.106774
Mass Intercept[11][2]: 8.846970
Mass Slope[11][3]:   27.106210
Mass Intercept[11][3]: 9.010505
Mass Slope[11][4]:   27.105854
Mass Intercept[11][4]: 9.142219
Mass Slope[11][5]:   27.105607
Mass Intercept[11][5]: 9.253355
Mass Slope[11][6]:   27.105425
Mass Intercept[11][6]: 9.349946
Mass Slope[11][7]:   27.105285
Mass Intercept[11][7]: 9.435648
Mass Slope[11][8]:   27.105173
Mass Intercept[11][8]: 9.512859
Mass Slope[11][9]:   27.105081
Mass Intercept[11][9]: 9.583243
Mass Slope[11][10]:   27.105005
Mass Intercept[11][10]: 9.648007
Mass Slope[11][11]:   27.104941
Mass Intercept[11][11]: 9.708055
Mass Slope[11][12]:   27.104885
Mass Intercept[11][12]: 9.764086
Mass Slope[11][13]:   27.104816
Mass Intercept[11][13]: 9.839721
Mass Slope[11][14]:   27.104705
Mass Intercept[11][14]: 9.978222
Mass Slope[11][15]:   27.104593
Mass Intercept[11][15]: 10.157574
Mass Slope[11][16]:   0.000000
Mass Intercept[11][16]: 0.000000
Mass Slope[11][17]:   0.000000
Mass Intercept[11][17]: 0.000000
Mass Slope[11][18]:   0.000000
Mass Intercept[11][18]: 0.000000
Mass Slope[11][19]:   0.000000
Mass Intercept[11][19]: 0.000000
Mass Slope[12][0]:   27.191962

```
Mass Intercept[12][0]:  128.422219
Mass Slope[12][1]:      27.172883
Mass Intercept[12][1]:  130.902478
Mass Slope[12][2]:      27.157555
Mass Intercept[12][2]:  134.121375
Mass Slope[12][3]:      27.145240
Mass Intercept[12][3]:  137.692621
Mass Slope[12][4]:      27.135347
Mass Intercept[12][4]:  141.353265
Mass Slope[12][5]:      27.127398
Mass Intercept[12][5]:  144.930128
Mass Slope[12][6]:      27.121012
Mass Intercept[12][6]:  148.314669
Mass Slope[12][7]:      27.115882
Mass Intercept[12][7]:  151.444261
Mass Slope[12][8]:      27.111760
Mass Intercept[12][8]:  154.288336
Mass Slope[12][9]:      27.108448
Mass Intercept[12][9]:  156.838198
Mass Slope[12][10]:     27.105788
Mass Intercept[12][10]: 159.099607
Mass Slope[12][11]:     27.103650
Mass Intercept[12][11]: 161.087427
Mass Slope[12][12]:     27.101933
Mass Intercept[12][12]: 162.821827
Mass Slope[12][13]:     27.099999
Mass Intercept[12][13]: 164.929700
Mass Slope[12][14]:     27.097523
Mass Intercept[12][14]: 168.025425
Mass Slope[12][15]:     27.095861
Mass Intercept[12][15]: 170.684525
Mass Slope[12][16]:     0.000000
Mass Intercept[12][16]: 0.000000
Mass Slope[12][17]:     0.000000
Mass Intercept[12][17]: 0.000000
Mass Slope[12][18]:     0.000000
Mass Intercept[12][18]: 0.000000
Mass Slope[12][19]:     0.000000
Mass Intercept[12][19]: 0.000000
Vernier Fine Mass Slope:        427.989991
Vernier Fine Mass Intercept:    0.000000
Vernier Coarse Mass Slope:      0.000000
Vernier Coarse Mass Intercept:  0.000000
Center Lens High-Low Transfer (pos) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (pos) (V):       -0.85
Center Lens High-Low Transfer (neg) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (neg) (V):       0.66
Center Lens Low-High Transfer (pos) (V):        -1.08
Front Section Low-High Transfer (pos) (V):      -1.58
Center Lens Low-High Transfer (neg) (V):        2.20
Front Section Low-High Transfer (neg) (V):      2.41
Scan Phase 0:   21.500000
Scan Phase 1:   86.000000
Scan Phase 2:   0.000000
Scan Phase 3:   0.000000
Scan Phase 4:   0.000000
Scan Phase 5:   0.000000
Scan Phase 6:   28.400000
Scan Phase 7:   0.000000
Scan Phase 8:   37.960000
Scan Phase 9:   0.000000
Scan Phase 10:  0.000000
Scan Phase 11:  0.000000
```

Scan Phase 12: 0.000000
Multiplier 1 Res Ej Phase (pos): 9.285714
Multiplier 2 Res Ej Phase (pos): 87.285714
Multiplier 1 Res Ej Phase (neg): 16.714286
Multiplier 2 Res Ej Phase (neg): 92.857143
Cap. Device Min (V): 0.000000
Cap. Device Max (V): 0.000000
Tube Lens Device Min (V): 0.000000
Tube Lens Device Max (V): 0.000000
Skimmer Device Min (V): 0.000000
Skimmer Device Max (V): 0.000000
Multipole 00 Device Min (V): -139.484925
Multipole 00 Device Max (V): 139.077014
Lens 0 Device Min (V): -140.946957
Lens 0 Device Max (V): 140.685799
Gate Lens Device Min (V): -136.424515
Gate Lens Device Max (V): 136.174021
Split Gate Device Min (V): 0.139803
Split Gate Device Max (V): 0.022071
Multipole 0 Device Min (V): -139.492374
Multipole 0 Device Max (V): 139.259890
Lens 1 Device Min (V): -140.341539
Lens 1 Device Max (V): 140.195648
Multipole 1 Device Min (V): -140.900431
Multipole 1 Device Max (V): 140.795239
Front Lens Device Min (V): -140.815614
Front Lens Device Max (V): 140.728086
Front Section Device Min (V): -142.442699
Front Section Device Max (V): 142.073479
Center Section Device Min (V): -142.892511
Center Section Device Max (V): 142.945802
Back Section Device Min (V): -143.206180
Back Section Device Max (V): 143.134038
Back Lens Device Min (V): 0.000000
Back Lens Device Max (V): 0.000000
Center Lens LPT Device Min (V): -144.302042
Center Lens LPT Device Max (V): 144.157527
Front Section LPT Device Min (V): -142.989346
Front Section LPT Device Max (V): 142.741764
Center Section LPT Device Min (V): -143.396832
Center Section LPT Device Max (V): 142.874578
Back Section LPT Device Min (V): -141.673488
Back Section LPT Device Max (V): 141.881634
FT Cal. Item 1: 319.000000
FT Cal. Item 2: 1.483699
FT Cal. Item 3: 1.483699
FT Cal. Item 4: 2.000000
FT Cal. Item 5: 2.000000
FT Cal. Item 6: 8.000000
FT Cal. Item 7: 8.000000
FT Cal. Item 8: 8.000000
FT Cal. Item 9: 8.000000
FT Cal. Item 10: 5.183333
FT Cal. Item 11: 5.183333
FT Cal. Item 12: 4.500000
FT Cal. Item 13: 4.500000
FT Cal. Item 14: 8.000000
FT Cal. Item 15: 8.000000
FT Cal. Item 16: 8.000000
FT Cal. Item 17: 8.000000
FT Cal. Item 18: 18.000000
FT Cal. Item 19: 18.000000
FT Cal. Item 20: 18.000000

```
FT Cal. Item 21:        18.000000
FT Cal. Item 22:        500.000000
FT Cal. Item 23:        350.000000
FT Cal. Item 24:        500.000000
FT Cal. Item 25:        350.000000
FT Cal. Item 26:        500.000000
FT Cal. Item 27:        300.000000
FT Cal. Item 28:        500.000000
FT Cal. Item 29:        300.000000
FT Cal. Item 30:        6.000000
FT Cal. Item 31:        6.000000
FT Cal. Item 32:        6.000000
FT Cal. Item 33:        6.000000
FT Cal. Item 34:        15.000000
FT Cal. Item 35:        15.000000
FT Cal. Item 36:        15.000000
FT Cal. Item 37:        15.000000
FT Cal. Item 38:        5.000000
FT Cal. Item 39:        5.000000
FT Cal. Item 40:        5.000000
FT Cal. Item 41:        5.000000
FT Cal. Item 42:        250.000000
FT Cal. Item 43:        250.000000
FT Cal. Item 44:        250.000000
FT Cal. Item 45:        250.000000
FT Cal. Item 46:        250.000000
FT Cal. Item 47:        250.000000
FT Cal. Item 48:        250.000000
FT Cal. Item 49:        250.000000
FT Cal. Item 50:        160.000000
FT Cal. Item 51:        160.000000
FT Cal. Item 52:        200.000000
FT Cal. Item 53:        200.000000
FT Cal. Item 54:        0.000000
FT Cal. Item 55:        0.000000
FT Cal. Item 56:        0.000000
FT Cal. Item 57:        0.000000
FT Cal. Item 58:        170.000000
FT Cal. Item 59:        170.000000
FT Cal. Item 60:        185.000000
FT Cal. Item 61:        185.000000
FT Cal. Item 62:        0.000000
FT Cal. Item 63:        0.000000
FT Cal. Item 64:        0.000000
FT Cal. Item 65:        0.000000
FT Cal. Item 66:        150.635674
FT Cal. Item 67:        150.635674
FT Cal. Item 68:        130.635674
FT Cal. Item 69:        130.635674
FT Cal. Item 70:        197.590823
FT Cal. Item 71:        197.590823
FT Cal. Item 72:        222.590823
FT Cal. Item 73:        222.590823
FT Cal. Item 74:        1001.425705
FT Cal. Item 75:        1001.425705
FT Cal. Item 76:        1011.425705
FT Cal. Item 77:        1011.425705
FT Cal. Item 78:        5.000000
FT Cal. Item 79:        47460925.035297
FT Cal. Item 80:        47460925.035297
FT Cal. Item 81:        47460925.035297
FT Cal. Item 82:        47460925.035297
FT Cal. Item 83:        46000100.000000
```

```
FT Cal. Item 84:        46000100.000000
FT Cal. Item 85:        46000100.000000
FT Cal. Item 86:        46000100.000000
FT Cal. Item 87:        47460377.600313
FT Cal. Item 88:        47460377.600313
FT Cal. Item 89:        47460377.600313
FT Cal. Item 90:        47460377.600313
FT Cal. Item 91:        46000000.000000
FT Cal. Item 92:        46000000.000000
FT Cal. Item 93:        46000000.000000
FT Cal. Item 94:        46000000.000000
FT Cal. Item 95:        8000000.000000
FT Cal. Item 96:        8000000.000000
FT Cal. Item 97:        8000000.000000
FT Cal. Item 98:        8000000.000000
FT Cal. Item 99:        8000016.000000
FT Cal. Item 100:       8000016.000000
FT Cal. Item 101:       8000016.000000
FT Cal. Item 102:       8000016.000000
FT Cal. Item 103:       8000000.000000
FT Cal. Item 104:       8000000.000000
FT Cal. Item 105:       8000000.000000
FT Cal. Item 106:       8000000.000000
FT Cal. Item 107:       8000000.000000
FT Cal. Item 108:       8000000.000000
FT Cal. Item 109:       8000000.000000
FT Cal. Item 110:       8000000.000000
FT Cal. Item 111:       604667.187500
FT Cal. Item 112:       1545959.625000
FT Cal. Item 113:       3787306.000000
FT Cal. Item 114:       7233261.000000
FT Cal. Item 115:       604667.187500
FT Cal. Item 116:       1545959.625000
FT Cal. Item 117:       3787306.000000
FT Cal. Item 118:       7233261.000000
FT Cal. Item 119:       669080.375000
FT Cal. Item 120:       1976239.500000
FT Cal. Item 121:       5535230.000000
FT Cal. Item 122:       9166223.000000
FT Cal. Item 123:       669080.375000
FT Cal. Item 124:       1976239.500000
FT Cal. Item 125:       5535230.000000
FT Cal. Item 126:       9166223.000000
FT Cal. Item 127:       378104.964886
FT Cal. Item 128:       368606.323614
FT Cal. Item 129:       370808.508697
FT Cal. Item 130:       368606.323614
FT Cal. Item 131:       -4.355131
FT Cal. Item 132:       -4.355131
FT Cal. Item 133:       -1.000000
FT Cal. Item 134:       -1.000000
FT Cal. Item 135:       -42.215977
FT Cal. Item 136:       -42.215977
FT Cal. Item 137:       -40.000000
FT Cal. Item 138:       -40.000000
FT Cal. Item 139:       -17.381576
FT Cal. Item 140:       -17.381576
FT Cal. Item 141:       -15.000000
FT Cal. Item 142:       -15.000000
FT Cal. Item 143:       55.638340
FT Cal. Item 144:       55.638340
FT Cal. Item 145:       50.000000
FT Cal. Item 146:       50.000000
```

```
FT Cal. Item 147:       50.000000
FT Cal. Item 148:       50.000000
FT Cal. Item 149:       50.000000
FT Cal. Item 150:       50.000000
FT Cal. Item 151:       -13.016116
FT Cal. Item 152:       -13.016116
FT Cal. Item 153:       -15.000000
FT Cal. Item 154:       -15.000000
FT Cal. Item 155:       -0.675470
FT Cal. Item 156:       -0.675470
FT Cal. Item 157:       -1.000000
FT Cal. Item 158:       -1.000000
FT Cal. Item 159:       2300.000000
FT Cal. Item 160:       2300.000000
FT Cal. Item 161:       2300.000000
FT Cal. Item 162:       2300.000000
FT Cal. Item 163:       0.200000
FT Cal. Item 164:       0.200000
FT Cal. Item 165:       0.200000
FT Cal. Item 166:       0.200000
FT Cal. Item 167:       3000.000000
FT Cal. Item 168:       2141.513732
FT Cal. Item 169:       2141.513732
FT Cal. Item 170:       2141.513732
FT Cal. Item 171:       3500.000000
FT Cal. Item 172:       3500.000000
FT Cal. Item 173:       3500.000000
FT Cal. Item 174:       3500.000000
FT Cal. Item 175:       27.878338
FT Cal. Item 176:       27.878338
FT Cal. Item 177:       17.878338
FT Cal. Item 178:       17.878338
FT Cal. Item 179:       378.805489
FT Cal. Item 180:       378.805489
FT Cal. Item 181:       348.805489
FT Cal. Item 182:       348.805489
FT Cal. Item 183:       26.000796
FT Cal. Item 184:       0.000000
FT Cal. Item 185:       25.997980
FT Cal. Item 186:       0.000000
FT Cal. Item 187:       26.073250
FT Cal. Item 188:       -47.700000
FT Cal. Item 189:       -75.000000
FT Cal. Item 190:       50.000000
FT Cal. Item 191:       1381722.000000
FT Cal. Item 192:       1381722.000000
FT Cal. Item 193:       2651780.000000
FT Cal. Item 194:       2651780.000000
FT Cal. Item 195:       10070.000000
FT Cal. Item 196:       0.861250
FT Cal. Item 197:       1.000000
FT Cal. Item 198:       0.500000
FT Cal. Item 199:       5.500000
FT Cal. Item 200:       5.500000
FT Cal. Item 201:       9.000000
FT Cal. Item 202:       9.000000
FT Cal. Item 203:       0.500000
FT Cal. Item 204:       0.500000
FT Cal. Item 205:       0.000000
FT Cal. Item 206:       -50.000000
FT Cal. Item 207:       -1754.260010
FT Cal. Item 208:       1418.245483
FT Cal. Item 209:       -335.321503
```

```
FT Cal. Item 210:       25.567171
FT Cal. Item 211:       89.000000
FT Cal. Item 212:       100.000000
FT Cal. Item 213:       -0.000000
FT Cal. Item 214:       1361177728.000000
FT Cal. Item 215:       0.000000
FT Cal. Item 216:       1361177728.000000
FT Cal. Item 217:       -0.000000
FT Cal. Item 218:       1334910592.000000
FT Cal. Item 219:       0.000000
FT Cal. Item 220:       1334910592.000000
FT Cal. Item 221:       0.000000
FT Cal. Item 222:       0.000000
FT Cal. Item 223:       0.000000
FT Cal. Item 224:       0.000000
FT Cal. Item 225:       -0.000000
FT Cal. Item 226:       1361177728.000000
FT Cal. Item 227:       -0.000000
FT Cal. Item 228:       1334910592.000000
FT Cal. Item 229:       0.000000
FT Cal. Item 230:       1361177728.000000
FT Cal. Item 231:       0.000000
FT Cal. Item 232:       1334910592.000000
FT Cal. Item 233:       0.000000
FT Cal. Item 234:       0.000000
FT Cal. Item 235:       0.000000
FT Cal. Item 236:       0.000000
FT Cal. Item 237:       0.000000
FT Cal. Item 238:       0.000000
FT Cal. Item 239:       0.000000
FT Cal. Item 240:       0.000000
FT Cal. Item 241:       42.000000
FT Cal. Item 242:       1.000000
FT Cal. Item 243:       1.000000
FT Cal. Item 244:       0.000000
FT Cal. Item 245:       27.000000
FT Cal. Item 246:       4392707.500000
FT Cal. Item 247:       0.000000
FT Cal. Item 248:       1430.000000
FT Cal. Item 249:       384.000000
FT Cal. Item 250:       1361177728.000000
FT Cal. Item 251:       11.000000
FT Cal. Item 252:       138.066193
FT Cal. Item 253:       586.312256
FT Cal. Item 254:       195.087646
FT Cal. Item 255:       493.239227
FT Cal. Item 256:       393.224487
FT Cal. Item 257:       347.417786
FT Cal. Item 258:       524.264954
FT Cal. Item 259:       300.882385
FT Cal. Item 260:       1121.997070
FT Cal. Item 261:       205.672852
FT Cal. Item 262:       1221.990601
FT Cal. Item 263:       197.078186
FT Cal. Item 264:       1321.984253
FT Cal. Item 265:       189.478134
FT Cal. Item 266:       1421.977905
FT Cal. Item 267:       182.694611
FT Cal. Item 268:       1521.971436
FT Cal. Item 269:       176.591156
FT Cal. Item 270:       1621.965088
FT Cal. Item 271:       171.061264
FT Cal. Item 272:       1721.958740
```

FT Cal. Item 273: 166.020432
FT Cal. Item 274: 1.000000
FT Cal. Item 275: 1.000000
FT Cal. Item 276: 1.000000
FT Cal. Item 277: 27.000000
FT Cal. Item 278: 4923670.000000
FT Cal. Item 279: 0.000000
FT Cal. Item 280: 2300.000000
FT Cal. Item 281: 384.000000
FT Cal. Item 282: 1334910592.000000
FT Cal. Item 283: 8.000000
FT Cal. Item 284: 265.147888
FT Cal. Item 285: 423.083008
FT Cal. Item 286: 514.284424
FT Cal. Item 287: 303.786133
FT Cal. Item 288: 1279.997192
FT Cal. Item 289: 192.559143
FT Cal. Item 290: 1379.990845
FT Cal. Item 291: 185.451538
FT Cal. Item 292: 1479.984497
FT Cal. Item 293: 179.076981
FT Cal. Item 294: 1579.978027
FT Cal. Item 295: 173.317642
FT Cal. Item 296: 1679.971680
FT Cal. Item 297: 168.080490
FT Cal. Item 298: 1779.965332
FT Cal. Item 299: 163.291061
FT Cal. Item 300: 0.000000
FT Cal. Item 301: 100010.000000
FT Cal. Item 302: -6930.028320
FT Cal. Item 303: 4406.289551
FT Cal. Item 304: -909.487366
FT Cal. Item 305: 62.919659
FT Cal. Item 306: 100011.000000
FT Cal. Item 307: 0.500000
FT Cal. Item 308: 0.500000
FT Cal. Item 309: 100012.000000
FT Cal. Item 310: 0.000000
FT Cal. Item 311: 0.000000
FT Cal. Item 312: 100013.000000
FT Cal. Item 313: 20.000000
FT Cal. Item 314: 20.000000
FT Cal. Item 315: 100014.000000
FT Cal. Item 316: 5.500000
FT Cal. Item 317: 0.500000
FT Cal. Item 318: 5.500000
FT Cal. Item 319: 3.500000
FT Cal. Item 320: 0.000000
FT Cal. Item 321: 0.000000
FT Cal. Item 322: 0.000000
FT Cal. Item 323: 0.000000
FT Cal. Item 324: 0.000000
FT Cal. Item 325: 0.000000
FT Cal. Item 326: 0.000000
FT Cal. Item 327: 0.000000
FT Cal. Item 328: 0.000000
FT Cal. Item 329: 0.000000
FT Cal. Item 330: 0.000000
FT Cal. Item 331: 0.000000
FT Cal. Item 332: 0.000000
FT Cal. Item 333: 0.000000
FT Cal. Item 334: 0.000000
FT Cal. Item 335: 0.000000

FT Cal. Item 336: 0.000000
FT Cal. Item 337: 0.000000
FT Cal. Item 338: 0.000000
FT Cal. Item 339: 0.000000
FT Cal. Item 340: 0.000000
FT Cal. Item 341: 0.000000
FT Cal. Item 342: 0.000000
FT Cal. Item 343: 0.000000
FT Cal. Item 344: 0.000000
FT Cal. Item 345: 0.000000
FT Cal. Item 346: 0.000000
FT Cal. Item 347: 0.000000
FT Cal. Item 348: 0.000000
FT Cal. Item 349: 0.000000
FT Cal. Item 350: 0.000000
FT Cal. Item 351: 0.000000
FT Cal. Item 352: 0.000000
FT Cal. Item 353: 0.000000
FT Cal. Item 354: 0.000000
FT Cal. Item 355: 0.000000
FT Cal. Item 356: 0.000000
FT Cal. Item 357: 0.000000
FT Cal. Item 358: 0.000000
FT Cal. Item 359: 0.000000
FT Cal. Item 360: 0.000000
FT Cal. Item 361: 0.000000
FT Cal. Item 362: 0.000000
FT Cal. Item 363: 0.000000
FT Cal. Item 364: 0.000000
FT Cal. Item 365: 0.000000
FT Cal. Item 366: 0.000000
FT Cal. Item 367: 0.000000
FT Cal. Item 368: 0.000000
FT Cal. Item 369: 0.000000
FT Cal. Item 370: 0.000000
FT Cal. Item 371: 0.000000
FT Cal. Item 372: 0.000000
FT Cal. Item 373: 0.000000
FT Cal. Item 374: 0.000000
FT Cal. Item 375: 0.000000
FT Cal. Item 376: 0.000000
FT Cal. Item 377: 0.000000
FT Cal. Item 378: 0.000000
FT Cal. Item 379: 0.000000
FT Cal. Item 380: 0.000000
FT Cal. Item 381: 0.000000
FT Cal. Item 382: 0.000000
FT Cal. Item 383: 0.000000
FT Cal. Item 384: 0.000000
FT Cal. Item 385: 0.000000
FT Cal. Item 386: 0.000000
FT Cal. Item 387: 0.000000
FT Cal. Item 388: 0.000000
FT Cal. Item 389: 0.000000
FT Cal. Item 390: 0.000000
FT Cal. Item 391: 0.000000
FT Cal. Item 392: 0.000000
FT Cal. Item 393: 0.000000
FT Cal. Item 394: 0.000000
FT Cal. Item 395: 0.000000
FT Cal. Item 396: 0.000000
FT Cal. Item 397: 0.000000
FT Cal. Item 398: 0.000000

```
FT Cal. Item 399:       0.000000
FT Cal. Item 400:       0.000000
FT Cal. Item 401:       0.000000
FT Cal. Item 402:       0.000000
FT Cal. Item 403:       0.000000
FT Cal. Item 404:       0.000000
FT Cal. Item 405:       0.000000
FT Cal. Item 406:       0.000000
FT Cal. Item 407:       0.000000
FT Cal. Item 408:       0.000000
FT Cal. Item 409:       0.000000
FT Cal. Item 410:       0.000000
FT Cal. Item 411:       0.000000
FT Cal. Item 412:       0.000000
FT Cal. Item 413:       0.000000
FT Cal. Item 414:       0.000000
FT Cal. Item 415:       0.000000
FT Cal. Item 416:       0.000000
FT Cal. Item 417:       0.000000
FT Cal. Item 418:       0.000000
FT Cal. Item 419:       0.000000
FT Cal. Item 420:       0.000000
FT Cal. Item 421:       0.000000
FT Cal. Item 422:       0.000000
FT Cal. Item 423:       0.000000
FT Cal. Item 424:       0.000000
FT Cal. Item 425:       0.000000
FT Cal. Item 426:       0.000000
FT Cal. Item 427:       0.000000
FT Cal. Item 428:       0.000000
FT Cal. Item 429:       0.000000
FT Cal. Item 430:       0.000000
FT Cal. Item 431:       0.000000
FT Cal. Item 432:       0.000000
FT Cal. Item 433:       0.000000
FT Cal. Item 434:       0.000000
FT Cal. Item 435:       0.000000
FT Cal. Item 436:       0.000000
FT Cal. Item 437:       0.000000
FT Cal. Item 438:       0.000000
FT Cal. Item 439:       0.000000
FT Cal. Item 440:       0.000000
FT Cal. Item 441:       0.000000
FT Cal. Item 442:       0.000000
FT Cal. Item 443:       0.000000
FT Cal. Item 444:       0.000000
FT Cal. Item 445:       0.000000
FT Cal. Item 446:       0.000000
FT Cal. Item 447:       0.000000
FT Cal. Item 448:       0.000000
FT Cal. Item 449:       0.000000
FT Cal. Item 450:       0.000000
FT Cal. Item 451:       0.000000
FT Cal. Item 452:       0.000000
FT Cal. Item 453:       0.000000
FT Cal. Item 454:       0.000000
FT Cal. Item 455:       0.000000
FT Cal. Item 456:       0.000000
FT Cal. Item 457:       0.000000
FT Cal. Item 458:       0.000000
FT Cal. Item 459:       0.000000
FT Cal. Item 460:       0.000000
FT Cal. Item 461:       0.000000
```

```
FT Cal. Item 462:       0.000000
FT Cal. Item 463:       0.000000
FT Cal. Item 464:       0.000000
FT Cal. Item 465:       0.000000
FT Cal. Item 466:       0.000000
FT Cal. Item 467:       0.000000
FT Cal. Item 468:       0.000000
FT Cal. Item 469:       0.000000
FT Cal. Item 470:       0.000000
FT Cal. Item 471:       0.000000
FT Cal. Item 472:       0.000000
FT Cal. Item 473:       0.000000
FT Cal. Item 474:       0.000000
FT Cal. Item 475:       0.000000
FT Cal. Item 476:       0.000000
FT Cal. Item 477:       0.000000
FT Cal. Item 478:       0.000000
FT Cal. Item 479:       0.000000
FT Cal. Item 480:       0.000000
FT Cal. Item 481:       0.000000
FT Cal. Item 482:       0.000000
FT Cal. Item 483:       0.000000
FT Cal. Item 484:       0.000000
FT Cal. Item 485:       0.000000
FT Cal. Item 486:       0.000000
FT Cal. Item 487:       0.000000
FT Cal. Item 488:       0.000000
FT Cal. Item 489:       0.000000
FT Cal. Item 490:       0.000000
FT Cal. Item 491:       0.000000
FT Cal. Item 492:       0.000000
FT Cal. Item 493:       0.000000
FT Cal. Item 494:       0.000000
FT Cal. Item 495:       0.000000
FT Cal. Item 496:       0.000000
FT Cal. Item 497:       0.000000
FT Cal. Item 498:       0.000000
FT Cal. Item 499:       0.000000
FT Cal. Item 500:       0.000000
```

MS-Log-Datei C4

Creator: LTQ VELOS
Last modified: 11/12/2012 by LTQ VELOS

MS Run Time (min): 160.00

Sequence override of method parameters not enabled.

Divert Valve: not used during run

Contact Closure: not used during run

Syringe Pump: not used during run

MS Detector Settings:

Acquisition Start Delay (min): 2.00
Real-time modifications to method enabled

Stepped collision energy not enabled

Additional Microscans:

MS2	0	0
MS3	0	0
MS4	0	0
MS5	0	0
MS6	0	0
MS7	0	0
MS8	0	0
MS9	0	0
MS10	0	0

Experiment Type: Nth Order Double Play

Tune Method: NSI_051112

Scan Event Details:
 1: FTMS + p norm o(400.0-1850.0)
       CV = 0.0V
 2: ITMS + c norm Dep Wideband MS/MS Most intense ion from (1)
       Activation Type: CID
       Min. Signal Required: 1000.0
       Isolation Width: 2.00
       Normalized Coll. Energy: 35.0
       Default Charge State: 2
       Activation Q: 0.250
       Activation Time: 10.000
       CV = 0.0V
Scan Event 2 repeated for top 20 peaks.

Lock Masses:
   Pos List Name: lock
          Source: API Source
       Mass List: 445.120024
   Neg List Name: N/A
          Source: API Source
       Mass List: (none)

Data Dependent Settings:
       Use separate polarity settings disabled
       Parent Mass List: (none)
       Reject Mass List: (none)

```
Neutral Loss Mass List:      (none)
Product Mass List:           (none)
Neutral loss in top:         3
Product in top:              3
Most intense if no parent masses found not enabled
Add/subtract mass not enabled
FT master scan preview mode enabled
Charge state screening enabled
Charge state dependent ETD time not enabled
Monoisotopic precursor selection enabled
Charge state rejection enabled
  Unassigned charge states : rejected
             Charge state 1 : rejected
             Charge state 2 : not rejected
             Charge state 3 : not rejected
             Charge states 4+ : not rejected
Chromatography mode is disabled


Global Data Dependent Settings:
       Predict ion injection time enabled
       Use global parent and reject mass lists not enabled
       Exclude parent mass from data dependent selection not enabled
       Exclusion mass width relative to mass
       Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
       Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
       Parent mass width by mass
       Parent mass width low:  0.50000
       Parent mass width high: 0.50000
       Reject mass width relative to mass
       Reject mass width relative to low (ppm):  10.000
       Reject mass width relative to high (ppm): 10.000
       Zoom/UltraZoom scan mass width by mass
       Zoom/UltraZoom scan mass width low:  5.00
       Zoom/UltraZoom scan mass width high: 5.00
       FT SIM scan mass width low:         5.00
       FT SIM scan mass width high:        5.00
       Neutral Loss candidates processed by decreasing intensity
       Neutral Loss mass width by mass
       Neutral Loss mass width low:  0.50000
       Neutral Loss mass width high: 0.50000
       Product candidates processed by decreasing intensity
       Product mass width by mass
       Product mass width low:  0.50000
       Product mass width high: 0.50000
       MS mass range:  0.00-1000000.00
       MSn mass range by mass
       MSn mass range:  0.00-1000000.00
       Use m/z values as masses not enabled
       Analog UV data dep. not enabled
       Dynamic exclusion enabled
              Repeat Count:         1
              Repeat Duration:      30.00
              Exclusion List Size:  500
              Exclusion Duration:   90.00
              Exclusion mass width relative to mass
              Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
              Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
                     Expiration:   disabled
       Isotopic data dependence not enabled


Custom Data Dependent Settings:
```

Not enabled

Thermo EASY nLC

Sample pickup:
Volume [µl] : 6.00
Flow [µl / min] : 20.00

Sample loading:
Volume [µl] : 20.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Gradient:

Time [mm:ss]	Duration [mm:ss]	Flow [nl/min]	Mixture [%B]
00:00	00:00	300	5
150:00	150:00	300	40
160:00	10:00	300	80
170:00	10:00	300	80

Pre-column equilibration:
Volume [µl] : 12.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Analytical column equilibration:
Volume [µl] : 3.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Auto-sampler wash:

Order	Source	Volume [µl]	Cycles
1	Bottle 1	28.00	1

MS-Log-Datei C5

Tune File Values
Source Type: NSI
Capillary Temp (C): 275.00
APCI Vaporizer Temp (C): 0.00
Sheath Gas Flow (): 0.00
Aux Gas Flow (): 0.00
Sweep Gas Flow (): 0.00
Injection Waveforms: On
Ion Trap Zoom AGC Target: 3000.00
Ion Trap Full AGC Target: 30000.00
Ion Trap SIM AGC Target: 10000.00
Ion Trap MSn AGC Target: 10000.00
FTMS Injection Waveforms: On
FTMS Full AGC Target: 1000000.00
FTMS SIM AGC Target: 100000.00
FTMS MSn AGC Target: 50000.00

POSITIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.90
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 50.00
Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): -2.00
Lens 0 Voltage (V): -3.00
Multipole 0 Offset (V): -7.00
Lens 1 Voltage (V): -15.00
Gate Lens Offset (V): -90.00
Multipole 1 Offset (V): -20.00
Front Lens (V): -8.00
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 200.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

NEGATIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.50
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 60.00

Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): 4.00
Lens 0 Voltage (V): 4.20
Multipole 0 Offset (V): 7.50
Lens 1 Voltage (V): 15.00
Gate Lens Offset (V): 90.00
Multipole 1 Offset (V): 6.00
Front Lens (V): 6.25
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 10.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 100.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 10.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

Calibration File Values
Multiple RF Frequency: 3007.600000
Main RF Frequency: 1151.899700
QMSlope0: 34.647307
QMSlope1: 34.899698
QMSlope2: 34.422847
QMSlope3: 0.000000
QMSlope4: 0.000000
QMInt0: -20.707632
QMInt1: -41.213027
QMInt2: -17.374720
QMInt3: 0.000000
QMInt4: 0.000000
End Section Slope: 0.000000
End Section Int: 12.000000
PQD CE Factor: 8.871678
IsoW Slope: 0.000032
IsoW Int: 0.532328
Tickle Amp. Slope0: 0.000036
Tickle Amp. Int0: 0.015673
Tickle Amp. Slope1: 0.002000
Tickle Amp. Int1: 0.400000
Tickle Amp. Slope2: 0.002000
Tickle Amp. Int2: 0.400000
Tickle Amp. Slope3: 0.002000
Tickle Amp. Int3: 0.400000
Multiplier 1 Normal Gain (pos): -1526.562500

Multiplier 1 High Gain (pos):   -1680.312500
Multiplier 2 Normal Gain (pos): -1500.312500
Multiplier 2 High Gain (pos):   -1650.937500
Multiplier 1 Normal Gain (neg): -1495.312500
Multiplier 1 High Gain (neg):   -1633.437500
Multiplier 2 Normal Gain (neg): -1485.937500
Multiplier 2 High Gain (neg):   -1642.187500
Res. Eject Slope[0][0]: 0.026062
Res. Eject Intercept[0][0]:   0.543946
Res. Eject Slope[0][1]: 0.018096
Res. Eject Intercept[0][1]:   1.579462
Res. Eject Slope[0][2]: 0.015191
Res. Eject Intercept[0][2]:   2.189472
Res. Eject Slope[0][3]: 0.013636
Res. Eject Intercept[0][3]:   2.640563
Res. Eject Slope[0][4]: 0.012654
Res. Eject Intercept[0][4]:   3.003883
Res. Eject Slope[0][5]: 0.011973
Res. Eject Intercept[0][5]:   3.310437
Res. Eject Slope[0][6]: 0.011470
Res. Eject Intercept[0][6]:   3.576873
Res. Eject Slope[0][7]: 0.011082
Res. Eject Intercept[0][7]:   3.813272
Res. Eject Slope[0][8]: 0.010774
Res. Eject Intercept[0][8]:   4.026249
Res. Eject Slope[0][9]: 0.010522
Res. Eject Intercept[0][9]:   4.220395
Res. Eject Slope[0][10]:   0.010311
Res. Eject Intercept[0][10]:   4.399039
Res. Eject Slope[0][11]:   0.010133
Res. Eject Intercept[0][11]:   4.564677
Res. Eject Slope[0][12]:   0.009980
Res. Eject Intercept[0][12]:   4.719231
Res. Eject Slope[0][13]:   0.009789
Res. Eject Intercept[0][13]:   4.927862
Res. Eject Slope[0][14]:   0.009483
Res. Eject Intercept[0][14]:   5.309900
Res. Eject Slope[0][15]:   0.009174
Res. Eject Intercept[0][15]:   5.804622
Res. Eject Slope[0][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][0]: 0.007531
Res. Eject Intercept[1][0]:   0.388089
Res. Eject Slope[1][1]: 0.007125
Res. Eject Intercept[1][1]:   0.444127
Res. Eject Slope[1][2]: 0.005770
Res. Eject Intercept[1][2]:   0.708449
Res. Eject Slope[1][3]: 0.004404
Res. Eject Intercept[1][3]:   1.424318
Res. Eject Slope[1][4]: 0.004727
Res. Eject Intercept[1][4]:   1.094812
Res. Eject Slope[1][5]: 0.005014
Res. Eject Intercept[1][5]:   0.686279
Res. Eject Slope[1][6]: 0.004717
Res. Eject Intercept[1][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][7]: 0.004577
Res. Eject Intercept[1][7]:   0.000000

Res. Eject Slope[1][8]: 0.004475
Res. Eject Intercept[1][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][9]: 0.004396
Res. Eject Intercept[1][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][0]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][0]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][1]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][1]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][2]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][2]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][3]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][3]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][4]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][4]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][5]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][5]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][6]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][19]:   0.000000

Res. Eject Intercept[2][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][0]: 0.038151
Res. Eject Intercept[3][0]:   1.625058
Res. Eject Slope[3][1]: 0.025098
Res. Eject Intercept[3][1]:   3.321857
Res. Eject Slope[3][2]: 0.020339
Res. Eject Intercept[3][2]:   4.321421
Res. Eject Slope[3][3]: 0.017790
Res. Eject Intercept[3][3]:   5.060580
Res. Eject Slope[3][4]: 0.016181
Res. Eject Intercept[3][4]:   5.655917
Res. Eject Slope[3][5]: 0.015064
Res. Eject Intercept[3][5]:   6.158238
Res. Eject Slope[3][6]: 0.014241
Res. Eject Intercept[3][6]:   6.594820
Res. Eject Slope[3][7]: 0.013606
Res. Eject Intercept[3][7]:   6.982185
Res. Eject Slope[3][8]: 0.013100
Res. Eject Intercept[3][8]:   7.331169
Res. Eject Slope[3][9]: 0.012687
Res. Eject Intercept[3][9]:   7.649298
Res. Eject Slope[3][10]:   0.012342
Res. Eject Intercept[3][10]:   7.942024
Res. Eject Slope[3][11]:   0.012050
Res. Eject Intercept[3][11]:   8.213438
Res. Eject Slope[3][12]:   0.011800
Res. Eject Intercept[3][12]:   8.466691
Res. Eject Slope[3][13]:   0.011486
Res. Eject Intercept[3][13]:   8.808555
Res. Eject Slope[3][14]:   0.010985
Res. Eject Intercept[3][14]:   9.434563
Res. Eject Slope[3][15]:   0.010479
Res. Eject Intercept[3][15]:   10.245217
Res. Eject Slope[3][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][0]: 0.013600
Res. Eject Intercept[4][0]:   14.750000
Res. Eject Slope[4][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][1]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][2]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][3]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][4]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][5]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[4][10]:   0.000000

```
Res. Eject Slope[4][11]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][11]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][12]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][12]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][13]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][13]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][14]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][14]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][15]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][15]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][16]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][16]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][17]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][17]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][18]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][18]:     0.000000
Res. Eject Slope[4][19]:         0.000000
Res. Eject Intercept[4][19]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][0]: 0.001790
Res. Eject Intercept[5][0]:      7.570000
Res. Eject Slope[5][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][1]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][2]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][3]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][4]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][5]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][6]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][7]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][8]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][9]:      0.000000
Res. Eject Slope[5][10]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][10]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][11]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][11]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][12]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][12]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][13]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][13]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][14]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][14]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][15]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][15]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][16]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][16]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][17]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][17]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][18]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][18]:     0.000000
Res. Eject Slope[5][19]:         0.000000
Res. Eject Intercept[5][19]:     0.000000
Res. Eject Slope[6][0]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][0]:      1.770000
Res. Eject Slope[6][1]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][1]:      1.770000
Res. Eject Slope[6][2]: 0.004170
```

Res. Eject Intercept[6][2]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][3]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][3]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][4]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][4]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][5]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][5]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][6]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][0]: 0.000242
Res. Eject Intercept[7][0]:   0.497958
Res. Eject Slope[7][1]: 0.000267
Res. Eject Intercept[7][1]:   0.494618
Res. Eject Slope[7][2]: 0.000344
Res. Eject Intercept[7][2]:   0.479564
Res. Eject Slope[7][3]: 0.000549
Res. Eject Intercept[7][3]:   0.371934
Res. Eject Slope[7][4]: 0.000749
Res. Eject Intercept[7][4]:   0.128023
Res. Eject Slope[7][5]: 0.000869
Res. Eject Intercept[7][5]:   -0.054620
Res. Eject Slope[7][6]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][6]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][7]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][7]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][8]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][8]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][9]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][9]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][13]:   0.000000

```
Res. Eject Slope[7][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[7][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[7][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][0]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][0]:     0.600000
Res. Eject Slope[8][1]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][1]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][2]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][2]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][3]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][3]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][4]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][4]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][5]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][5]:     1.480000
Res. Eject Slope[8][6]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][6]:     0.800000
Res. Eject Slope[8][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[8][10]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][10]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][11]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][11]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][12]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][12]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][13]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][13]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[8][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[8][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][0]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][0]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][1]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][2]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][3]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][4]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][5]: 0.000000
```

```
Res. Eject Intercept[9][5]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][6]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][10]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][10]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][11]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][11]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][12]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][12]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][13]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][13]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][0]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][0]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][1]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][1]:    3.000000
Res. Eject Slope[10][2]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][2]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][3]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][3]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][4]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][4]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][5]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][5]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][6]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][6]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][7]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][7]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][8]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][8]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][9]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][9]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][10]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][11]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][12]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][13]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][14]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][15]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][16]:   0.000000
```

```
Res. Eject Slope[10][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][0]:        0.016407
Res. Eject Intercept[11][0]:    0.211852
Res. Eject Slope[11][1]:        0.011652
Res. Eject Intercept[11][1]:    0.830088
Res. Eject Slope[11][2]:        0.009917
Res. Eject Intercept[11][2]:    1.194285
Res. Eject Slope[11][3]:        0.008989
Res. Eject Intercept[11][3]:    1.463601
Res. Eject Slope[11][4]:        0.008402
Res. Eject Intercept[11][4]:    1.680515
Res. Eject Slope[11][5]:        0.007996
Res. Eject Intercept[11][5]:    1.863538
Res. Eject Slope[11][6]:        0.007696
Res. Eject Intercept[11][6]:    2.022608
Res. Eject Slope[11][7]:        0.007464
Res. Eject Intercept[11][7]:    2.163747
Res. Eject Slope[11][8]:        0.007280
Res. Eject Intercept[11][8]:    2.290901
Res. Eject Slope[11][9]:        0.007129
Res. Eject Intercept[11][9]:    2.406813
Res. Eject Slope[11][10]:       0.007004
Res. Eject Intercept[11][10]:   2.513469
Res. Eject Slope[11][11]:       0.006898
Res. Eject Intercept[11][11]:   2.612360
Res. Eject Slope[11][12]:       0.006806
Res. Eject Intercept[11][12]:   2.704634
Res. Eject Slope[11][13]:       0.006692
Res. Eject Intercept[11][13]:   2.829193
Res. Eject Slope[11][14]:       0.006510
Res. Eject Intercept[11][14]:   3.057283
Res. Eject Slope[11][15]:       0.006325
Res. Eject Intercept[11][15]:   3.352648
Res. Eject Slope[11][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][0]:        0.027837
Res. Eject Intercept[12][0]:    1.359423
Res. Eject Slope[12][1]:        0.020496
Res. Eject Intercept[12][1]:    2.313732
Res. Eject Slope[12][2]:        0.017819
Res. Eject Intercept[12][2]:    2.875905
Res. Eject Slope[12][3]:        0.016385
Res. Eject Intercept[12][3]:    3.291621
Res. Eject Slope[12][4]:        0.015480
Res. Eject Intercept[12][4]:    3.626449
Res. Eject Slope[12][5]:        0.014853
Res. Eject Intercept[12][5]:    3.908963
Res. Eject Slope[12][6]:        0.014389
Res. Eject Intercept[12][6]:    4.154505
Res. Eject Slope[12][7]:        0.014032
Res. Eject Intercept[12][7]:    4.372366
Res. Eject Slope[12][8]:        0.013748
```

```
Res. Eject Intercept[12][8]:    4.568641
Res. Eject Slope[12][9]:        0.013515
Res. Eject Intercept[12][9]:    4.747562
Res. Eject Slope[12][10]:       0.013322
Res. Eject Intercept[12][10]:   4.912196
Res. Eject Slope[12][11]:       0.013157
Res. Eject Intercept[12][11]:   5.064844
Res. Eject Slope[12][12]:       0.013016
Res. Eject Intercept[12][12]:   5.207278
Res. Eject Slope[12][13]:       0.012840
Res. Eject Intercept[12][13]:   5.399548
Res. Eject Slope[12][14]:       0.012558
Res. Eject Intercept[12][14]:   5.751627
Res. Eject Slope[12][15]:       0.012273
Res. Eject Intercept[12][15]:   6.207552
Res. Eject Slope[12][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][19]:   0.000000
Mass Slope[0][0]:       27.114915
Mass Intercept[0][0]:   61.136132
Mass Slope[0][1]:       27.110400
Mass Intercept[0][1]:   61.723157
Mass Slope[0][2]:       27.106733
Mass Intercept[0][2]:   62.493255
Mass Slope[0][3]:       27.103755
Mass Intercept[0][3]:   63.356906
Mass Slope[0][4]:       27.101336
Mass Intercept[0][4]:   64.251767
Mass Slope[0][5]:       27.099372
Mass Intercept[0][5]:   65.135621
Mass Slope[0][6]:       27.097777
Mass Intercept[0][6]:   65.981011
Mass Slope[0][7]:       27.096481
Mass Intercept[0][7]:   66.771189
Mass Slope[0][8]:       27.095429
Mass Intercept[0][8]:   67.497058
Mass Slope[0][9]:       27.094575
Mass Intercept[0][9]:   68.154888
Mass Slope[0][10]:      27.093881
Mass Intercept[0][10]:  68.744620
Mass Slope[0][11]:      27.093318
Mass Intercept[0][11]:  69.268623
Mass Slope[0][12]:      27.092860
Mass Intercept[0][12]:  69.730775
Mass Slope[0][13]:      27.092338
Mass Intercept[0][13]:  70.300291
Mass Slope[0][14]:      27.091653
Mass Intercept[0][14]:  71.156608
Mass Slope[0][15]:      27.091176
Mass Intercept[0][15]:  71.919505
Mass Slope[0][16]:      0.000000
Mass Intercept[0][16]:  0.000000
Mass Slope[0][17]:      0.000000
Mass Intercept[0][17]:  0.000000
Mass Slope[0][18]:      0.000000
Mass Intercept[0][18]:  0.000000
Mass Slope[0][19]:      0.000000
Mass Intercept[0][19]:  0.000000
```

```
Mass Slope[1][0]:       27.093406
Mass Intercept[1][0]:   -12.548579
Mass Slope[1][1]:       27.092341
Mass Intercept[1][1]:   -12.401652
Mass Slope[1][2]:       27.105413
Mass Intercept[1][2]:   -14.951843
Mass Slope[1][3]:       27.114066
Mass Intercept[1][3]:   -19.487963
Mass Slope[1][4]:       27.109900
Mass Intercept[1][4]:   -15.230343
Mass Slope[1][5]:       27.102300
Mass Intercept[1][5]:   -4.422995
Mass Slope[1][6]:       27.102300
Mass Intercept[1][6]:   -4.422995
Mass Slope[1][7]:       27.108190
Mass Intercept[1][7]:   -7.967609
Mass Slope[1][8]:       27.108190
Mass Intercept[1][8]:   -7.967609
Mass Slope[1][9]:       27.108190
Mass Intercept[1][9]:   -7.967609
Mass Slope[1][10]:      27.108190
Mass Intercept[1][10]:  -7.967609
Mass Slope[1][11]:      27.108190
Mass Intercept[1][11]:  -7.967609
Mass Slope[1][12]:      27.108190
Mass Intercept[1][12]:  -7.967609
Mass Slope[1][13]:      27.108190
Mass Intercept[1][13]:  -7.967609
Mass Slope[1][14]:      27.108190
Mass Intercept[1][14]:  -7.967609
Mass Slope[1][15]:      27.108190
Mass Intercept[1][15]:  -7.967609
Mass Slope[1][16]:      0.000000
Mass Intercept[1][16]:  0.000000
Mass Slope[1][17]:      0.000000
Mass Intercept[1][17]:  0.000000
Mass Slope[1][18]:      0.000000
Mass Intercept[1][18]:  0.000000
Mass Slope[1][19]:      0.000000
Mass Intercept[1][19]:  0.000000
Mass Slope[2][0]:       13.629785
Mass Intercept[2][0]:   1.700831
Mass Slope[2][1]:       13.592633
Mass Intercept[2][1]:   24.132735
Mass Slope[2][2]:       13.586477
Mass Intercept[2][2]:   32.854994
Mass Slope[2][3]:       13.578582
Mass Intercept[2][3]:   51.980081
Mass Slope[2][4]:       13.582703
Mass Intercept[2][4]:   40.082899
Mass Slope[2][5]:       13.587413
Mass Intercept[2][5]:   24.295927
Mass Slope[2][6]:       3.111961
Mass Intercept[2][6]:   0.000000
Mass Slope[2][7]:       0.000000
Mass Intercept[2][7]:   0.000000
Mass Slope[2][8]:       0.000000
Mass Intercept[2][8]:   0.000000
Mass Slope[2][9]:       0.000000
Mass Intercept[2][9]:   0.000000
Mass Slope[2][10]:      0.000000
Mass Intercept[2][10]:  0.000000
Mass Slope[2][11]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[2][11]:  0.000000
Mass Slope[2][12]:      0.000000
Mass Intercept[2][12]:  0.000000
Mass Slope[2][13]:      0.000000
Mass Intercept[2][13]:  0.000000
Mass Slope[2][14]:      0.000000
Mass Intercept[2][14]:  0.000000
Mass Slope[2][15]:      0.000000
Mass Intercept[2][15]:  0.000000
Mass Slope[2][16]:      0.000000
Mass Intercept[2][16]:  0.000000
Mass Slope[2][17]:      0.000000
Mass Intercept[2][17]:  0.000000
Mass Slope[2][18]:      0.000000
Mass Intercept[2][18]:  0.000000
Mass Slope[2][19]:      0.000000
Mass Intercept[2][19]:  0.000000
Mass Slope[3][0]:       27.268214
Mass Intercept[3][0]:   245.815418
Mass Slope[3][1]:       27.204351
Mass Intercept[3][1]:   254.117654
Mass Slope[3][2]:       27.181062
Mass Intercept[3][2]:   259.008406
Mass Slope[3][3]:       27.168590
Mass Intercept[3][3]:   262.625026
Mass Slope[3][4]:       27.160718
Mass Intercept[3][4]:   265.537939
Mass Slope[3][5]:       27.155256
Mass Intercept[3][5]:   267.995734
Mass Slope[3][6]:       27.151226
Mass Intercept[3][6]:   270.131878
Mass Slope[3][7]:       27.148118
Mass Intercept[3][7]:   272.027211
Mass Slope[3][8]:       27.145644
Mass Intercept[3][8]:   273.734751
Mass Slope[3][9]:       27.143622
Mass Intercept[3][9]:   275.291315
Mass Slope[3][10]:      27.141937
Mass Intercept[3][10]:  276.723590
Mass Slope[3][11]:      27.140509
Mass Intercept[3][11]:  278.051587
Mass Slope[3][12]:      27.139282
Mass Intercept[3][12]:  279.290723
Mass Slope[3][13]:      27.137748
Mass Intercept[3][13]:  280.963424
Mass Slope[3][14]:      27.135297
Mass Intercept[3][14]:  284.026409
Mass Slope[3][15]:      27.132818
Mass Intercept[3][15]:  287.992842
Mass Slope[3][16]:      0.000000
Mass Intercept[3][16]:  0.000000
Mass Slope[3][17]:      0.000000
Mass Intercept[3][17]:  0.000000
Mass Slope[3][18]:      0.000000
Mass Intercept[3][18]:  0.000000
Mass Slope[3][19]:      0.000000
Mass Intercept[3][19]:  0.000000
Mass Slope[4][0]:       27.204351
Mass Intercept[4][0]:   254.117654
Mass Slope[4][1]:       27.706259
Mass Intercept[4][1]:   192.039514
Mass Slope[4][2]:       27.706259
Mass Intercept[4][2]:   192.039514
```

```
Mass Slope[4][3]:       27.706259
Mass Intercept[4][3]:   192.039514
Mass Slope[4][4]:       27.706259
Mass Intercept[4][4]:   192.039514
Mass Slope[4][5]:       27.706259
Mass Intercept[4][5]:   192.039514
Mass Slope[4][6]:       0.000000
Mass Intercept[4][6]:   0.000000
Mass Slope[4][7]:       0.000000
Mass Intercept[4][7]:   0.000000
Mass Slope[4][8]:       0.000000
Mass Intercept[4][8]:   0.000000
Mass Slope[4][9]:       0.000000
Mass Intercept[4][9]:   0.000000
Mass Slope[4][10]:      0.000000
Mass Intercept[4][10]:  0.000000
Mass Slope[4][11]:      0.000000
Mass Intercept[4][11]:  0.000000
Mass Slope[4][12]:      0.000000
Mass Intercept[4][12]:  0.000000
Mass Slope[4][13]:      0.000000
Mass Intercept[4][13]:  0.000000
Mass Slope[4][14]:      0.000000
Mass Intercept[4][14]:  0.000000
Mass Slope[4][15]:      0.000000
Mass Intercept[4][15]:  0.000000
Mass Slope[4][16]:      0.000000
Mass Intercept[4][16]:  0.000000
Mass Slope[4][17]:      0.000000
Mass Intercept[4][17]:  0.000000
Mass Slope[4][18]:      0.000000
Mass Intercept[4][18]:  0.000000
Mass Slope[4][19]:      0.000000
Mass Intercept[4][19]:  0.000000
Mass Slope[5][0]:       13.717664
Mass Intercept[5][0]:   -18.239243
Mass Slope[5][1]:       13.760062
Mass Intercept[5][1]:   -34.076489
Mass Slope[5][2]:       13.760062
Mass Intercept[5][2]:   -34.076489
Mass Slope[5][3]:       13.760062
Mass Intercept[5][3]:   -34.076489
Mass Slope[5][4]:       13.760062
Mass Intercept[5][4]:   -34.076489
Mass Slope[5][5]:       13.760062
Mass Intercept[5][5]:   -34.076489
Mass Slope[5][6]:       0.000000
Mass Intercept[5][6]:   0.000000
Mass Slope[5][7]:       0.000000
Mass Intercept[5][7]:   0.000000
Mass Slope[5][8]:       0.000000
Mass Intercept[5][8]:   0.000000
Mass Slope[5][9]:       0.000000
Mass Intercept[5][9]:   0.000000
Mass Slope[5][10]:      0.000000
Mass Intercept[5][10]:  0.000000
Mass Slope[5][11]:      0.000000
Mass Intercept[5][11]:  0.000000
Mass Slope[5][12]:      0.000000
Mass Intercept[5][12]:  0.000000
Mass Slope[5][13]:      0.000000
Mass Intercept[5][13]:  0.000000
Mass Slope[5][14]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[5][14]:  0.000000
Mass Slope[5][15]:      0.000000
Mass Intercept[5][15]:  0.000000
Mass Slope[5][16]:      0.000000
Mass Intercept[5][16]:  0.000000
Mass Slope[5][17]:      0.000000
Mass Intercept[5][17]:  0.000000
Mass Slope[5][18]:      0.000000
Mass Intercept[5][18]:  0.000000
Mass Slope[5][19]:      0.000000
Mass Intercept[5][19]:  0.000000
Mass Slope[6][0]:       13.621208
Mass Intercept[6][0]:   -24.198645
Mass Slope[6][1]:       13.603959
Mass Intercept[6][1]:   -13.790723
Mass Slope[6][2]:       13.595642
Mass Intercept[6][2]:   -2.013268
Mass Slope[6][3]:       13.594836
Mass Intercept[6][3]:   -0.062694
Mass Slope[6][4]:       13.593545
Mass Intercept[6][4]:   3.665071
Mass Slope[6][5]:       13.594963
Mass Intercept[6][5]:   -1.087373
Mass Slope[6][6]:       0.000000
Mass Intercept[6][6]:   1.013668
Mass Slope[6][7]:       0.000000
Mass Intercept[6][7]:   0.000000
Mass Slope[6][8]:       0.000000
Mass Intercept[6][8]:   0.000000
Mass Slope[6][9]:       0.000000
Mass Intercept[6][9]:   0.000000
Mass Slope[6][10]:      0.000000
Mass Intercept[6][10]:  0.000000
Mass Slope[6][11]:      0.000000
Mass Intercept[6][11]:  0.000000
Mass Slope[6][12]:      0.000000
Mass Intercept[6][12]:  0.000000
Mass Slope[6][13]:      0.000000
Mass Intercept[6][13]:  0.000000
Mass Slope[6][14]:      0.000000
Mass Intercept[6][14]:  0.000000
Mass Slope[6][15]:      0.000000
Mass Intercept[6][15]:  0.000000
Mass Slope[6][16]:      0.000000
Mass Intercept[6][16]:  0.000000
Mass Slope[6][17]:      0.000000
Mass Intercept[6][17]:  0.000000
Mass Slope[6][18]:      0.000000
Mass Intercept[6][18]:  0.000000
Mass Slope[6][19]:      0.000000
Mass Intercept[6][19]:  0.000000
Mass Slope[7][0]:       27.137455
Mass Intercept[7][0]:   -27.966980
Mass Slope[7][1]:       27.128791
Mass Intercept[7][1]:   -26.865826
Mass Slope[7][2]:       27.137556
Mass Intercept[7][2]:   -28.479617
Mass Slope[7][3]:       27.140441
Mass Intercept[7][3]:   -29.960543
Mass Slope[7][4]:       27.139798
Mass Intercept[7][4]:   -29.310389
Mass Slope[7][5]:       27.134019
Mass Intercept[7][5]:   -21.154864
```

Mass Slope[7][6]:   27.137239
Mass Intercept[7][6]:   -30.203139
Mass Slope[7][7]:   27.108190
Mass Intercept[7][7]:   -12.967609
Mass Slope[7][8]:   27.108190
Mass Intercept[7][8]:   -12.967609
Mass Slope[7][9]:   27.108190
Mass Intercept[7][9]:   -12.967609
Mass Slope[7][10]:   27.108190
Mass Intercept[7][10]: -12.967609
Mass Slope[7][11]:   27.108190
Mass Intercept[7][11]: -12.967609
Mass Slope[7][12]:   27.108190
Mass Intercept[7][12]: -12.967609
Mass Slope[7][13]:   27.108190
Mass Intercept[7][13]: -12.967609
Mass Slope[7][14]:   27.108190
Mass Intercept[7][14]: -12.967609
Mass Slope[7][15]:   27.108190
Mass Intercept[7][15]: -12.967609
Mass Slope[7][16]:   0.000000
Mass Intercept[7][16]: 0.000000
Mass Slope[7][17]:   0.000000
Mass Intercept[7][17]: 0.000000
Mass Slope[7][18]:   0.000000
Mass Intercept[7][18]: 0.000000
Mass Slope[7][19]:   0.000000
Mass Intercept[7][19]: 0.000000
Mass Slope[8][0]:   13.614022
Mass Intercept[8][0]:   -24.785087
Mass Slope[8][1]:   13.611860
Mass Intercept[8][1]:   -23.480555
Mass Slope[8][2]:   13.611333
Mass Intercept[8][2]:   -22.735181
Mass Slope[8][3]:   13.612054
Mass Intercept[8][3]:   -24.481769
Mass Slope[8][4]:   13.612671
Mass Intercept[8][4]:   -26.261068
Mass Slope[8][5]:   13.613631
Mass Intercept[8][5]:   -29.477181
Mass Slope[8][6]:   0.000000
Mass Intercept[8][6]:   0.000000
Mass Slope[8][7]:   0.000000
Mass Intercept[8][7]:   0.000000
Mass Slope[8][8]:   0.000000
Mass Intercept[8][8]:   0.000000
Mass Slope[8][9]:   0.000000
Mass Intercept[8][9]:   0.000000
Mass Slope[8][10]:   0.000000
Mass Intercept[8][10]: 0.000000
Mass Slope[8][11]:   0.000000
Mass Intercept[8][11]: 0.000000
Mass Slope[8][12]:   0.000000
Mass Intercept[8][12]: 0.000000
Mass Slope[8][13]:   0.000000
Mass Intercept[8][13]: 0.000000
Mass Slope[8][14]:   0.000000
Mass Intercept[8][14]: 0.000000
Mass Slope[8][15]:   0.000000
Mass Intercept[8][15]: 0.000000
Mass Slope[8][16]:   0.000000
Mass Intercept[8][16]: 0.000000
Mass Slope[8][17]:   0.000000

```
Mass Intercept[8][17]:  0.000000
Mass Slope[8][18]:      0.000000
Mass Intercept[8][18]:  0.000000
Mass Slope[8][19]:      0.000000
Mass Intercept[8][19]:  0.000000
Mass Slope[9][0]:       9.751034
Mass Intercept[9][0]:   1.015733
Mass Slope[9][1]:       9.751034
Mass Intercept[9][1]:   1.015733
Mass Slope[9][2]:       9.751034
Mass Intercept[9][2]:   1.015733
Mass Slope[9][3]:       9.751034
Mass Intercept[9][3]:   1.015733
Mass Slope[9][4]:       9.751034
Mass Intercept[9][4]:   1.015733
Mass Slope[9][5]:       9.751034
Mass Intercept[9][5]:   1.015733
Mass Slope[9][6]:       0.000000
Mass Intercept[9][6]:   1.013668
Mass Slope[9][7]:       0.000000
Mass Intercept[9][7]:   0.000000
Mass Slope[9][8]:       0.000000
Mass Intercept[9][8]:   0.000000
Mass Slope[9][9]:       0.000000
Mass Intercept[9][9]:   0.000000
Mass Slope[9][10]:      0.000000
Mass Intercept[9][10]:  0.000000
Mass Slope[9][11]:      0.000000
Mass Intercept[9][11]:  0.000000
Mass Slope[9][12]:      0.000000
Mass Intercept[9][12]:  0.000000
Mass Slope[9][13]:      0.000000
Mass Intercept[9][13]:  0.000000
Mass Slope[9][14]:      0.000000
Mass Intercept[9][14]:  0.000000
Mass Slope[9][15]:      0.000000
Mass Intercept[9][15]:  0.000000
Mass Slope[9][16]:      0.000000
Mass Intercept[9][16]:  0.000000
Mass Slope[9][17]:      0.000000
Mass Intercept[9][17]:  0.000000
Mass Slope[9][18]:      0.000000
Mass Intercept[9][18]:  0.000000
Mass Slope[9][19]:      0.000000
Mass Intercept[9][19]:  0.000000
Mass Slope[10][0]:      9.751034
Mass Intercept[10][0]:  1.015733
Mass Slope[10][1]:      9.751034
Mass Intercept[10][1]:  1.015733
Mass Slope[10][2]:      9.751034
Mass Intercept[10][2]:  1.015733
Mass Slope[10][3]:      9.751034
Mass Intercept[10][3]:  1.015733
Mass Slope[10][4]:      9.751034
Mass Intercept[10][4]:  1.015733
Mass Slope[10][5]:      9.751034
Mass Intercept[10][5]:  1.015733
Mass Slope[10][6]:      0.000000
Mass Intercept[10][6]:  0.000000
Mass Slope[10][7]:      0.000000
Mass Intercept[10][7]:  0.000000
Mass Slope[10][8]:      0.000000
Mass Intercept[10][8]:  0.000000
```

```
Mass Slope[10][9]:      0.000000
Mass Intercept[10][9]:  0.000000
Mass Slope[10][10]:     0.000000
Mass Intercept[10][10]: 0.000000
Mass Slope[10][11]:     0.000000
Mass Intercept[10][11]: 0.000000
Mass Slope[10][12]:     0.000000
Mass Intercept[10][12]: 0.000000
Mass Slope[10][13]:     0.000000
Mass Intercept[10][13]: 0.000000
Mass Slope[10][14]:     0.000000
Mass Intercept[10][14]: 0.000000
Mass Slope[10][15]:     0.000000
Mass Intercept[10][15]: 0.000000
Mass Slope[10][16]:     0.000000
Mass Intercept[10][16]: 0.000000
Mass Slope[10][17]:     0.000000
Mass Intercept[10][17]: 0.000000
Mass Slope[10][18]:     0.000000
Mass Intercept[10][18]: 0.000000
Mass Slope[10][19]:     0.000000
Mass Intercept[10][19]: 0.000000
Mass Slope[11][0]:      27.088478
Mass Intercept[11][0]:  10.458916
Mass Slope[11][1]:      27.094960
Mass Intercept[11][1]:  9.616290
Mass Slope[11][2]:      27.097324
Mass Intercept[11][2]:  9.119908
Mass Slope[11][3]:      27.098589
Mass Intercept[11][3]:  8.752843
Mass Slope[11][4]:      27.099388
Mass Intercept[11][4]:  8.457200
Mass Slope[11][5]:      27.099943
Mass Intercept[11][5]:  8.207749
Mass Slope[11][6]:      27.100352
Mass Intercept[11][6]:  7.990943
Mass Slope[11][7]:      27.100667
Mass Intercept[11][7]:  7.798578
Mass Slope[11][8]:      27.100918
Mass Intercept[11][8]:  7.625273
Mass Slope[11][9]:      27.101124
Mass Intercept[11][9]:  7.467291
Mass Slope[11][10]:     27.101295
Mass Intercept[11][10]: 7.321924
Mass Slope[11][11]:     27.101440
Mass Intercept[11][11]: 7.187140
Mass Slope[11][12]:     27.101564
Mass Intercept[11][12]: 7.061376
Mass Slope[11][13]:     27.101720
Mass Intercept[11][13]: 6.891607
Mass Slope[11][14]:     27.101968
Mass Intercept[11][14]: 6.580732
Mass Slope[11][15]:     27.102220
Mass Intercept[11][15]: 6.178163
Mass Slope[11][16]:     0.000000
Mass Intercept[11][16]: 0.000000
Mass Slope[11][17]:     0.000000
Mass Intercept[11][17]: 0.000000
Mass Slope[11][18]:     0.000000
Mass Intercept[11][18]: 0.000000
Mass Slope[11][19]:     0.000000
Mass Intercept[11][19]: 0.000000
Mass Slope[12][0]:      27.173970
```

```
Mass Intercept[12][0]:  128.114695
Mass Slope[12][1]:      27.155282
Mass Intercept[12][1]:  130.544055
Mass Slope[12][2]:      27.140364
Mass Intercept[12][2]:  133.676891
Mass Slope[12][3]:      27.128455
Mass Intercept[12][3]:  137.130604
Mass Slope[12][4]:      27.118947
Mass Intercept[12][4]:  140.648313
Mass Slope[12][5]:      27.111357
Mass Intercept[12][5]:  144.063705
Mass Slope[12][6]:      27.105298
Mass Intercept[12][6]:  147.274952
Mass Slope[12][7]:      27.100462
Mass Intercept[12][7]:  150.225465
Mass Slope[12][8]:      27.096600
Mass Intercept[12][8]:  152.889787
Mass Slope[12][9]:      27.093518
Mass Intercept[12][9]:  155.263336
Mass Slope[12][10]:     27.091057
Mass Intercept[12][10]: 157.355022
Mass Slope[12][11]:     27.089092
Mass Intercept[12][11]: 159.181986
Mass Slope[12][12]:     27.087524
Mass Intercept[12][12]: 160.765925
Mass Slope[12][13]:     27.085772
Mass Intercept[12][13]: 162.675246
Mass Slope[12][14]:     27.083560
Mass Intercept[12][14]: 165.440876
Mass Slope[12][15]:     27.082107
Mass Intercept[12][15]: 167.765979
Mass Slope[12][16]:     0.000000
Mass Intercept[12][16]: 0.000000
Mass Slope[12][17]:     0.000000
Mass Intercept[12][17]: 0.000000
Mass Slope[12][18]:     0.000000
Mass Intercept[12][18]: 0.000000
Mass Slope[12][19]:     0.000000
Mass Intercept[12][19]: 0.000000
Vernier Fine Mass Slope:        428.003310
Vernier Fine Mass Intercept:    0.000000
Vernier Coarse Mass Slope:      0.000000
Vernier Coarse Mass Intercept:  0.000000
Center Lens High-Low Transfer (pos) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (pos) (V):       -0.93
Center Lens High-Low Transfer (neg) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (neg) (V):       0.66
Center Lens Low-High Transfer (pos) (V):        -0.90
Front Section Low-High Transfer (pos) (V):      -2.27
Center Lens Low-High Transfer (neg) (V):        2.20
Front Section Low-High Transfer (neg) (V):      2.41
Scan Phase 0:   27.500000
Scan Phase 1:   57.500000
Scan Phase 2:   0.000000
Scan Phase 3:   0.000000
Scan Phase 4:   0.000000
Scan Phase 5:   0.000000
Scan Phase 6:   28.400000
Scan Phase 7:   0.000000
Scan Phase 8:   37.960000
Scan Phase 9:   0.000000
Scan Phase 10:  0.000000
Scan Phase 11:  0.000000
```

Scan Phase 12: 0.000000
Multiplier 1 Res Ej Phase (pos): 9.285714
Multiplier 2 Res Ej Phase (pos): 92.857143
Multiplier 1 Res Ej Phase (neg): 16.714286
Multiplier 2 Res Ej Phase (neg): 92.857143
Cap. Device Min (V): 0.000000
Cap. Device Max (V): 0.000000
Tube Lens Device Min (V): 0.000000
Tube Lens Device Max (V): 0.000000
Skimmer Device Min (V): 0.000000
Skimmer Device Max (V): 0.000000
Multipole 00 Device Min (V): -139.484925
Multipole 00 Device Max (V): 139.077014
Lens 0 Device Min (V): -140.946957
Lens 0 Device Max (V): 140.685799
Gate Lens Device Min (V): -136.424515
Gate Lens Device Max (V): 136.174021
Split Gate Device Min (V): 0.139803
Split Gate Device Max (V): 0.022071
Multipole 0 Device Min (V): -139.492374
Multipole 0 Device Max (V): 139.259890
Lens 1 Device Min (V): -140.341539
Lens 1 Device Max (V): 140.195648
Multipole 1 Device Min (V): -140.900431
Multipole 1 Device Max (V): 140.795239
Front Lens Device Min (V): -140.815614
Front Lens Device Max (V): 140.728086
Front Section Device Min (V): -142.442699
Front Section Device Max (V): 142.073479
Center Section Device Min (V): -142.892511
Center Section Device Max (V): 142.945802
Back Section Device Min (V): -143.206180
Back Section Device Max (V): 143.134038
Back Lens Device Min (V): 0.000000
Back Lens Device Max (V): 0.000000
Center Lens LPT Device Min (V): -144.302042
Center Lens LPT Device Max (V): 144.157527
Front Section LPT Device Min (V): -142.989346
Front Section LPT Device Max (V): 142.741764
Center Section LPT Device Min (V): -143.396832
Center Section LPT Device Max (V): 142.874578
Back Section LPT Device Min (V): -141.673488
Back Section LPT Device Max (V): 141.881634
FT Cal. Item 1: 319.000000
FT Cal. Item 2: 5.250000
FT Cal. Item 3: 5.250000
FT Cal. Item 4: 2.000000
FT Cal. Item 5: 2.000000
FT Cal. Item 6: 8.000000
FT Cal. Item 7: 8.000000
FT Cal. Item 8: 8.000000
FT Cal. Item 9: 8.000000
FT Cal. Item 10: 5.850000
FT Cal. Item 11: 5.850000
FT Cal. Item 12: 4.500000
FT Cal. Item 13: 4.500000
FT Cal. Item 14: 8.000000
FT Cal. Item 15: 8.000000
FT Cal. Item 16: 8.000000
FT Cal. Item 17: 8.000000
FT Cal. Item 18: 18.000000
FT Cal. Item 19: 18.000000
FT Cal. Item 20: 18.000000

```
FT Cal. Item 21:        18.000000
FT Cal. Item 22:        500.000000
FT Cal. Item 23:        350.000000
FT Cal. Item 24:        500.000000
FT Cal. Item 25:        350.000000
FT Cal. Item 26:        500.000000
FT Cal. Item 27:        300.000000
FT Cal. Item 28:        500.000000
FT Cal. Item 29:        300.000000
FT Cal. Item 30:        6.000000
FT Cal. Item 31:        6.000000
FT Cal. Item 32:        6.000000
FT Cal. Item 33:        6.000000
FT Cal. Item 34:        15.000000
FT Cal. Item 35:        15.000000
FT Cal. Item 36:        15.000000
FT Cal. Item 37:        15.000000
FT Cal. Item 38:        5.000000
FT Cal. Item 39:        5.000000
FT Cal. Item 40:        5.000000
FT Cal. Item 41:        5.000000
FT Cal. Item 42:        250.000000
FT Cal. Item 43:        250.000000
FT Cal. Item 44:        250.000000
FT Cal. Item 45:        250.000000
FT Cal. Item 46:        250.000000
FT Cal. Item 47:        250.000000
FT Cal. Item 48:        250.000000
FT Cal. Item 49:        250.000000
FT Cal. Item 50:        160.000000
FT Cal. Item 51:        160.000000
FT Cal. Item 52:        200.000000
FT Cal. Item 53:        200.000000
FT Cal. Item 54:        0.000000
FT Cal. Item 55:        0.000000
FT Cal. Item 56:        0.000000
FT Cal. Item 57:        0.000000
FT Cal. Item 58:        170.000000
FT Cal. Item 59:        170.000000
FT Cal. Item 60:        185.000000
FT Cal. Item 61:        185.000000
FT Cal. Item 62:        0.000000
FT Cal. Item 63:        0.000000
FT Cal. Item 64:        0.000000
FT Cal. Item 65:        0.000000
FT Cal. Item 66:        150.635674
FT Cal. Item 67:        150.635674
FT Cal. Item 68:        130.635674
FT Cal. Item 69:        130.635674
FT Cal. Item 70:        197.590823
FT Cal. Item 71:        197.590823
FT Cal. Item 72:        222.590823
FT Cal. Item 73:        222.590823
FT Cal. Item 74:        1001.425705
FT Cal. Item 75:        1001.425705
FT Cal. Item 76:        1011.425705
FT Cal. Item 77:        1011.425705
FT Cal. Item 78:        5.000000
FT Cal. Item 79:        47460925.035297
FT Cal. Item 80:        47460925.035297
FT Cal. Item 81:        47460925.035297
FT Cal. Item 82:        47460925.035297
FT Cal. Item 83:        46000100.000000
```

```
FT Cal. Item 84:        46000100.000000
FT Cal. Item 85:        46000100.000000
FT Cal. Item 86:        46000100.000000
FT Cal. Item 87:        47460377.600313
FT Cal. Item 88:        47460377.600313
FT Cal. Item 89:        47460377.600313
FT Cal. Item 90:        47460377.600313
FT Cal. Item 91:        46000000.000000
FT Cal. Item 92:        46000000.000000
FT Cal. Item 93:        46000000.000000
FT Cal. Item 94:        46000000.000000
FT Cal. Item 95:        8000000.000000
FT Cal. Item 96:        8000000.000000
FT Cal. Item 97:        8000000.000000
FT Cal. Item 98:        8000000.000000
FT Cal. Item 99:        8000016.000000
FT Cal. Item 100:       8000016.000000
FT Cal. Item 101:       8000016.000000
FT Cal. Item 102:       8000016.000000
FT Cal. Item 103:       8000000.000000
FT Cal. Item 104:       8000000.000000
FT Cal. Item 105:       8000000.000000
FT Cal. Item 106:       8000000.000000
FT Cal. Item 107:       8000000.000000
FT Cal. Item 108:       8000000.000000
FT Cal. Item 109:       8000000.000000
FT Cal. Item 110:       8000000.000000
FT Cal. Item 111:       884926.125000
FT Cal. Item 112:       2411398.000000
FT Cal. Item 113:       4730218.000000
FT Cal. Item 114:       11238111.000000
FT Cal. Item 115:       884926.125000
FT Cal. Item 116:       2411398.000000
FT Cal. Item 117:       4730218.000000
FT Cal. Item 118:       11238111.000000
FT Cal. Item 119:       669080.375000
FT Cal. Item 120:       1976239.500000
FT Cal. Item 121:       5535230.000000
FT Cal. Item 122:       9166223.000000
FT Cal. Item 123:       669080.375000
FT Cal. Item 124:       1976239.500000
FT Cal. Item 125:       5535230.000000
FT Cal. Item 126:       9166223.000000
FT Cal. Item 127:       373231.259033
FT Cal. Item 128:       368606.323614
FT Cal. Item 129:       370808.508697
FT Cal. Item 130:       368606.323614
FT Cal. Item 131:       -0.750000
FT Cal. Item 132:       -0.750000
FT Cal. Item 133:       -1.000000
FT Cal. Item 134:       -1.000000
FT Cal. Item 135:       -41.250000
FT Cal. Item 136:       -41.250000
FT Cal. Item 137:       -40.000000
FT Cal. Item 138:       -40.000000
FT Cal. Item 139:       -25.000000
FT Cal. Item 140:       -25.000000
FT Cal. Item 141:       -15.000000
FT Cal. Item 142:       -15.000000
FT Cal. Item 143:       60.000000
FT Cal. Item 144:       60.000000
FT Cal. Item 145:       50.000000
FT Cal. Item 146:       50.000000
```

```
FT Cal. Item 147:       50.000000
FT Cal. Item 148:       50.000000
FT Cal. Item 149:       50.000000
FT Cal. Item 150:       50.000000
FT Cal. Item 151:       -13.500000
FT Cal. Item 152:       -13.500000
FT Cal. Item 153:       -15.000000
FT Cal. Item 154:       -15.000000
FT Cal. Item 155:       -0.500000
FT Cal. Item 156:       -0.500000
FT Cal. Item 157:       -1.000000
FT Cal. Item 158:       -1.000000
FT Cal. Item 159:       2300.000000
FT Cal. Item 160:       2300.000000
FT Cal. Item 161:       2300.000000
FT Cal. Item 162:       2300.000000
FT Cal. Item 163:       0.200000
FT Cal. Item 164:       0.200000
FT Cal. Item 165:       0.200000
FT Cal. Item 166:       0.200000
FT Cal. Item 167:       2141.513732
FT Cal. Item 168:       2141.513732
FT Cal. Item 169:       2141.513732
FT Cal. Item 170:       2141.513732
FT Cal. Item 171:       3500.000000
FT Cal. Item 172:       3500.000000
FT Cal. Item 173:       3500.000000
FT Cal. Item 174:       3500.000000
FT Cal. Item 175:       27.878338
FT Cal. Item 176:       27.878338
FT Cal. Item 177:       17.878338
FT Cal. Item 178:       17.878338
FT Cal. Item 179:       378.805489
FT Cal. Item 180:       378.805489
FT Cal. Item 181:       348.805489
FT Cal. Item 182:       348.805489
FT Cal. Item 183:       25.995800
FT Cal. Item 184:       0.000000
FT Cal. Item 185:       25.997980
FT Cal. Item 186:       0.000000
FT Cal. Item 187:       26.524733
FT Cal. Item 188:       -47.200000
FT Cal. Item 189:       -73.600000
FT Cal. Item 190:       50.000000
FT Cal. Item 191:       1381722.000000
FT Cal. Item 192:       1381722.000000
FT Cal. Item 193:       2651780.000000
FT Cal. Item 194:       2651780.000000
FT Cal. Item 195:       10070.000000
FT Cal. Item 196:       0.860965
FT Cal. Item 197:       1.000000
FT Cal. Item 198:       0.500000
FT Cal. Item 199:       5.500000
FT Cal. Item 200:       5.500000
FT Cal. Item 201:       9.000000
FT Cal. Item 202:       9.000000
FT Cal. Item 203:       0.500000
FT Cal. Item 204:       0.500000
FT Cal. Item 205:       0.000000
FT Cal. Item 206:       -50.000000
FT Cal. Item 207:       -2583.998779
FT Cal. Item 208:       1793.862793
FT Cal. Item 209:       -389.518951
```

```
FT Cal. Item 210:       27.791634
FT Cal. Item 211:       89.000000
FT Cal. Item 212:       100.000000
FT Cal. Item 213:       -0.000000
FT Cal. Item 214:       1343631872.000000
FT Cal. Item 215:       -0.000000
FT Cal. Item 216:       1343631872.000000
FT Cal. Item 217:       -0.000000
FT Cal. Item 218:       1334910592.000000
FT Cal. Item 219:       0.000000
FT Cal. Item 220:       1334910592.000000
FT Cal. Item 221:       0.000000
FT Cal. Item 222:       0.000000
FT Cal. Item 223:       0.000000
FT Cal. Item 224:       0.000000
FT Cal. Item 225:       -0.000000
FT Cal. Item 226:       1343631872.000000
FT Cal. Item 227:       -0.000000
FT Cal. Item 228:       1334910592.000000
FT Cal. Item 229:       0.000000
FT Cal. Item 230:       1343631872.000000
FT Cal. Item 231:       0.000000
FT Cal. Item 232:       1334910592.000000
FT Cal. Item 233:       0.000000
FT Cal. Item 234:       0.000000
FT Cal. Item 235:       0.000000
FT Cal. Item 236:       0.000000
FT Cal. Item 237:       0.000000
FT Cal. Item 238:       0.000000
FT Cal. Item 239:       0.000000
FT Cal. Item 240:       0.000000
FT Cal. Item 241:       42.000000
FT Cal. Item 242:       1.000000
FT Cal. Item 243:       1.000000
FT Cal. Item 244:       0.000000
FT Cal. Item 245:       27.000000
FT Cal. Item 246:       5394999.000000
FT Cal. Item 247:       0.000000
FT Cal. Item 248:       1430.000000
FT Cal. Item 249:       384.000000
FT Cal. Item 250:       1343631872.000000
FT Cal. Item 251:       11.000000
FT Cal. Item 252:       138.066193
FT Cal. Item 253:       586.317932
FT Cal. Item 254:       195.087646
FT Cal. Item 255:       493.243988
FT Cal. Item 256:       393.224487
FT Cal. Item 257:       347.420807
FT Cal. Item 258:       524.264954
FT Cal. Item 259:       300.884979
FT Cal. Item 260:       1121.997070
FT Cal. Item 261:       205.673935
FT Cal. Item 262:       1221.990601
FT Cal. Item 263:       197.079315
FT Cal. Item 264:       1321.984253
FT Cal. Item 265:       189.479263
FT Cal. Item 266:       1421.977905
FT Cal. Item 267:       182.695709
FT Cal. Item 268:       1521.971436
FT Cal. Item 269:       176.592224
FT Cal. Item 270:       1621.965088
FT Cal. Item 271:       171.062225
FT Cal. Item 272:       1721.958740
```

FT Cal. Item 273: 166.021149
FT Cal. Item 274: 1.000000
FT Cal. Item 275: 1.000000
FT Cal. Item 276: 1.000000
FT Cal. Item 277: 27.000000
FT Cal. Item 278: 4923670.000000
FT Cal. Item 279: 0.000000
FT Cal. Item 280: 2300.000000
FT Cal. Item 281: 384.000000
FT Cal. Item 282: 1334910592.000000
FT Cal. Item 283: 8.000000
FT Cal. Item 284: 265.147888
FT Cal. Item 285: 423.083008
FT Cal. Item 286: 514.284424
FT Cal. Item 287: 303.786133
FT Cal. Item 288: 1279.997192
FT Cal. Item 289: 192.559143
FT Cal. Item 290: 1379.990845
FT Cal. Item 291: 185.451538
FT Cal. Item 292: 1479.984497
FT Cal. Item 293: 179.076981
FT Cal. Item 294: 1579.978027
FT Cal. Item 295: 173.317642
FT Cal. Item 296: 1679.971680
FT Cal. Item 297: 168.080490
FT Cal. Item 298: 1779.965332
FT Cal. Item 299: 163.291061
FT Cal. Item 300: 0.000000
FT Cal. Item 301: 100010.000000
FT Cal. Item 302: -6930.028320
FT Cal. Item 303: 4406.289551
FT Cal. Item 304: -909.487366
FT Cal. Item 305: 62.919659
FT Cal. Item 306: 100011.000000
FT Cal. Item 307: 0.500000
FT Cal. Item 308: 0.500000
FT Cal. Item 309: 100012.000000
FT Cal. Item 310: 0.000000
FT Cal. Item 311: 0.000000
FT Cal. Item 312: 100013.000000
FT Cal. Item 313: 20.000000
FT Cal. Item 314: 20.000000
FT Cal. Item 315: 100014.000000
FT Cal. Item 316: 0.500000
FT Cal. Item 317: 0.500000
FT Cal. Item 318: 3.500000
FT Cal. Item 319: 3.500000
FT Cal. Item 320: 0.000000
FT Cal. Item 321: 0.000000
FT Cal. Item 322: 0.000000
FT Cal. Item 323: 0.000000
FT Cal. Item 324: 0.000000
FT Cal. Item 325: 0.000000
FT Cal. Item 326: 0.000000
FT Cal. Item 327: 0.000000
FT Cal. Item 328: 0.000000
FT Cal. Item 329: 0.000000
FT Cal. Item 330: 0.000000
FT Cal. Item 331: 0.000000
FT Cal. Item 332: 0.000000
FT Cal. Item 333: 0.000000
FT Cal. Item 334: 0.000000
FT Cal. Item 335: 0.000000

FT Cal. Item 336: 0.000000
FT Cal. Item 337: 0.000000
FT Cal. Item 338: 0.000000
FT Cal. Item 339: 0.000000
FT Cal. Item 340: 0.000000
FT Cal. Item 341: 0.000000
FT Cal. Item 342: 0.000000
FT Cal. Item 343: 0.000000
FT Cal. Item 344: 0.000000
FT Cal. Item 345: 0.000000
FT Cal. Item 346: 0.000000
FT Cal. Item 347: 0.000000
FT Cal. Item 348: 0.000000
FT Cal. Item 349: 0.000000
FT Cal. Item 350: 0.000000
FT Cal. Item 351: 0.000000
FT Cal. Item 352: 0.000000
FT Cal. Item 353: 0.000000
FT Cal. Item 354: 0.000000
FT Cal. Item 355: 0.000000
FT Cal. Item 356: 0.000000
FT Cal. Item 357: 0.000000
FT Cal. Item 358: 0.000000
FT Cal. Item 359: 0.000000
FT Cal. Item 360: 0.000000
FT Cal. Item 361: 0.000000
FT Cal. Item 362: 0.000000
FT Cal. Item 363: 0.000000
FT Cal. Item 364: 0.000000
FT Cal. Item 365: 0.000000
FT Cal. Item 366: 0.000000
FT Cal. Item 367: 0.000000
FT Cal. Item 368: 0.000000
FT Cal. Item 369: 0.000000
FT Cal. Item 370: 0.000000
FT Cal. Item 371: 0.000000
FT Cal. Item 372: 0.000000
FT Cal. Item 373: 0.000000
FT Cal. Item 374: 0.000000
FT Cal. Item 375: 0.000000
FT Cal. Item 376: 0.000000
FT Cal. Item 377: 0.000000
FT Cal. Item 378: 0.000000
FT Cal. Item 379: 0.000000
FT Cal. Item 380: 0.000000
FT Cal. Item 381: 0.000000
FT Cal. Item 382: 0.000000
FT Cal. Item 383: 0.000000
FT Cal. Item 384: 0.000000
FT Cal. Item 385: 0.000000
FT Cal. Item 386: 0.000000
FT Cal. Item 387: 0.000000
FT Cal. Item 388: 0.000000
FT Cal. Item 389: 0.000000
FT Cal. Item 390: 0.000000
FT Cal. Item 391: 0.000000
FT Cal. Item 392: 0.000000
FT Cal. Item 393: 0.000000
FT Cal. Item 394: 0.000000
FT Cal. Item 395: 0.000000
FT Cal. Item 396: 0.000000
FT Cal. Item 397: 0.000000
FT Cal. Item 398: 0.000000

FT Cal. Item 399: 0.000000
FT Cal. Item 400: 0.000000
FT Cal. Item 401: 0.000000
FT Cal. Item 402: 0.000000
FT Cal. Item 403: 0.000000
FT Cal. Item 404: 0.000000
FT Cal. Item 405: 0.000000
FT Cal. Item 406: 0.000000
FT Cal. Item 407: 0.000000
FT Cal. Item 408: 0.000000
FT Cal. Item 409: 0.000000
FT Cal. Item 410: 0.000000
FT Cal. Item 411: 0.000000
FT Cal. Item 412: 0.000000
FT Cal. Item 413: 0.000000
FT Cal. Item 414: 0.000000
FT Cal. Item 415: 0.000000
FT Cal. Item 416: 0.000000
FT Cal. Item 417: 0.000000
FT Cal. Item 418: 0.000000
FT Cal. Item 419: 0.000000
FT Cal. Item 420: 0.000000
FT Cal. Item 421: 0.000000
FT Cal. Item 422: 0.000000
FT Cal. Item 423: 0.000000
FT Cal. Item 424: 0.000000
FT Cal. Item 425: 0.000000
FT Cal. Item 426: 0.000000
FT Cal. Item 427: 0.000000
FT Cal. Item 428: 0.000000
FT Cal. Item 429: 0.000000
FT Cal. Item 430: 0.000000
FT Cal. Item 431: 0.000000
FT Cal. Item 432: 0.000000
FT Cal. Item 433: 0.000000
FT Cal. Item 434: 0.000000
FT Cal. Item 435: 0.000000
FT Cal. Item 436: 0.000000
FT Cal. Item 437: 0.000000
FT Cal. Item 438: 0.000000
FT Cal. Item 439: 0.000000
FT Cal. Item 440: 0.000000
FT Cal. Item 441: 0.000000
FT Cal. Item 442: 0.000000
FT Cal. Item 443: 0.000000
FT Cal. Item 444: 0.000000
FT Cal. Item 445: 0.000000
FT Cal. Item 446: 0.000000
FT Cal. Item 447: 0.000000
FT Cal. Item 448: 0.000000
FT Cal. Item 449: 0.000000
FT Cal. Item 450: 0.000000
FT Cal. Item 451: 0.000000
FT Cal. Item 452: 0.000000
FT Cal. Item 453: 0.000000
FT Cal. Item 454: 0.000000
FT Cal. Item 455: 0.000000
FT Cal. Item 456: 0.000000
FT Cal. Item 457: 0.000000
FT Cal. Item 458: 0.000000
FT Cal. Item 459: 0.000000
FT Cal. Item 460: 0.000000
FT Cal. Item 461: 0.000000

```
FT Cal. Item 462:       0.000000
FT Cal. Item 463:       0.000000
FT Cal. Item 464:       0.000000
FT Cal. Item 465:       0.000000
FT Cal. Item 466:       0.000000
FT Cal. Item 467:       0.000000
FT Cal. Item 468:       0.000000
FT Cal. Item 469:       0.000000
FT Cal. Item 470:       0.000000
FT Cal. Item 471:       0.000000
FT Cal. Item 472:       0.000000
FT Cal. Item 473:       0.000000
FT Cal. Item 474:       0.000000
FT Cal. Item 475:       0.000000
FT Cal. Item 476:       0.000000
FT Cal. Item 477:       0.000000
FT Cal. Item 478:       0.000000
FT Cal. Item 479:       0.000000
FT Cal. Item 480:       0.000000
FT Cal. Item 481:       0.000000
FT Cal. Item 482:       0.000000
FT Cal. Item 483:       0.000000
FT Cal. Item 484:       0.000000
FT Cal. Item 485:       0.000000
FT Cal. Item 486:       0.000000
FT Cal. Item 487:       0.000000
FT Cal. Item 488:       0.000000
FT Cal. Item 489:       0.000000
FT Cal. Item 490:       0.000000
FT Cal. Item 491:       0.000000
FT Cal. Item 492:       0.000000
FT Cal. Item 493:       0.000000
FT Cal. Item 494:       0.000000
FT Cal. Item 495:       0.000000
FT Cal. Item 496:       0.000000
FT Cal. Item 497:       0.000000
FT Cal. Item 498:       0.000000
FT Cal. Item 499:       0.000000
FT Cal. Item 500:       0.000000
```

MS-Log-Datei C6

Creator: LTQ VELOS
Last modified: 3/27/2012 by LTQ VELOS

MS Run Time (min): 310.00

Sequence override of method parameters not enabled.

Divert Valve: not used during run

Contact Closure: not used during run

Syringe Pump: not used during run

MS Detector Settings:

Acquisition Start Delay (min): 2.00
Real-time modifications to method enabled

Stepped collision energy not enabled

Additional Microscans:

MS2	0	0
MS3	0	0
MS4	0	0
MS5	0	0
MS6	0	0
MS7	0	0
MS8	0	0
MS9	0	0
MS10	0	0

Experiment Type: Nth Order Double Play

Tune Method: NSI_PM28122011_500ms_200ms

Scan Event Details:
 1: FTMS + p norm o(400.0-1850.0)
       CV = 0.0V
 2: ITMS + c norm Dep Wideband MS/MS Most intense ion from (1)
       Activation Type: CID
       Min. Signal Required: 1000.0
       Isolation Width: 2.00
       Normalized Coll. Energy: 35.0
       Default Charge State: 2
       Activation Q: 0.250
       Activation Time: 10.000
       CV = 0.0V
Scan Event 2 repeated for top 20 peaks.

Lock Masses:
   Pos List Name: lock
          Source: API Source
       Mass List: 445.120024
   Neg List Name: N/A
          Source: API Source
       Mass List: (none)

Data Dependent Settings:
       Use separate polarity settings disabled
       Parent Mass List: (none)
       Reject Mass List: (none)

```
Neutral Loss Mass List:      (none)
Product Mass List:           (none)
Neutral loss in top:         3
Product in top:              3
Most intense if no parent masses found not enabled
Add/subtract mass not enabled
FT master scan preview mode enabled
Charge state screening enabled
Charge state dependent ETD time not enabled
Monoisotopic precursor selection enabled
Non-peptide monoisotopic recognition enabled
Charge state rejection enabled
  Unassigned charge states : rejected
            Charge state 1 : rejected
            Charge state 2 : not rejected
            Charge state 3 : not rejected
            Charge states 4+ : not rejected
Chromatography mode is disabled


Global Data Dependent Settings:
       Predict ion injection time enabled
       Use global parent and reject mass lists not enabled
       Exclude parent mass from data dependent selection not enabled
       Exclusion mass width relative to mass
       Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
       Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
       Parent mass width by mass
       Parent mass width low:  0.50000
       Parent mass width high: 0.50000
       Reject mass width relative to mass
       Reject mass width relative to low (ppm):  10.000
       Reject mass width relative to high (ppm): 10.000
       Zoom/UltraZoom scan mass width by mass
       Zoom/UltraZoom scan mass width low:  5.00
       Zoom/UltraZoom scan mass width high: 5.00
       FT SIM scan mass width low:         5.00
       FT SIM scan mass width high:        5.00
       Neutral Loss candidates processed by decreasing intensity
       Neutral Loss mass width by mass
       Neutral Loss mass width low:  0.50000
       Neutral Loss mass width high: 0.50000
       Product candidates processed by decreasing intensity
       Product mass width by mass
       Product mass width low:  0.50000
       Product mass width high: 0.50000
       MS mass range:  0.00-1000000.00
       MSn mass range by mass
       MSn mass range:  0.00-1000000.00
       Use m/z values as masses not enabled
       Analog UV data dep. not enabled
       Dynamic exclusion enabled
              Repeat Count:         1
              Repeat Duration:      30.00
              Exclusion List Size:  500
              Exclusion Duration:   90.00
              Exclusion mass width relative to mass
              Exclusion mass width relative to low (ppm):  10.000
              Exclusion mass width relative to high (ppm): 10.000
                     Expiration:   disabled
       Isotopic data dependence not enabled
```

Custom Data Dependent Settings:
Not enabled

Thermo EASY nLC

Sample pickup:
Volume [µl] : 6.00
Flow [µl / min] : 20.00

Sample loading:
Volume [µl] : 20.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Gradient:

Time [mm:ss]	Duration [mm:ss]	Flow [nl/min]	Mixture [%B]
00:00	00:00	300	5
300:00	300:00	300	40
310:00	10:00	300	80
320:00	10:00	300	80

Pre-column equilibration:
Volume [µl] : 12.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Analytical column equilibration:
Volume [µl] : 3.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Auto-sampler wash:

Order	Source	Volume [µl]	Cycles
1	Bottle 1	28.00	1

MS-Log-Datei C7

Tune File Values
Source Type: NSI
Capillary Temp (C): 275.00
APCI Vaporizer Temp (C): 0.00
Sheath Gas Flow (): 0.00
Aux Gas Flow (): 0.00
Sweep Gas Flow (): 0.00
Injection Waveforms: On
Ion Trap Zoom AGC Target: 3000.00
Ion Trap Full AGC Target: 30000.00
Ion Trap SIM AGC Target: 10000.00
Ion Trap MSn AGC Target: 10000.00
FTMS Injection Waveforms: On
FTMS Full AGC Target: 1000000.00
FTMS SIM AGC Target: 100000.00
FTMS MSn AGC Target: 50000.00

POSITIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.90
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 50.00
Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): -2.00
Lens 0 Voltage (V): -3.00
Multipole 0 Offset (V): -9.00
Lens 1 Voltage (V): -15.00
Gate Lens Offset (V): -90.00
Multipole 1 Offset (V): -20.00
Front Lens (V): -8.60
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 200.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 500.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

NEGATIVE POLARITY
Source Voltage (kV): 1.50
Source Current (uA): 100.00
S-Lens RF Level (%): 60.00

Skimmer Offset (V): 0.00
Multipole RF Amplifier (Vp-p): 800.00
Multipole 00 Offset (V): 4.00
Lens 0 Voltage (V): 4.20
Multipole 0 Offset (V): 7.50
Lens 1 Voltage (V): 15.00
Gate Lens Offset (V): 90.00
Multipole 1 Offset (V): 6.00
Front Lens (V): 6.25
Ion Trap Zoom Micro Scans: 1
Ion Trap Zoom Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap Full Micro Scans: 1
Ion Trap Full Max Ion Time (ms): 10.00
Ion Trap SIM Micro Scans: 1
Ion Trap SIM Max Ion Time (ms): 50.00
Ion Trap MSn Micro Scans: 1
Ion Trap MSn Max Ion Time (ms): 100.00
FTMS Full Micro Scans: 1
FTMS Full Max Ion Time (ms): 10.00
FTMS SIM Micro Scans: 1
FTMS SIM Max Ion Time (ms): 50.00
FTMS MSn Micro Scans: 1
FTMS MSn Max Ion Time (ms): 100.00

Additional FT Tune File Values
FT Tune Item 1: 0.000000
FT Tune Item 2: 0.000000
FT Tune Item 3: 0.000000
FT Tune Item 4: 0.000000
FT Tune Item 5: 0.000000
FT Tune Item 6: 0.000000
FT Tune Item 7: 0.000000
FT Tune Item 8: 0.000000
FT Tune Item 9: 0.000000
FT Tune Item 10: 0.000000

Calibration File Values
Multiple RF Frequency: 3006.600000
Main RF Frequency: 1151.799564
QMSlope0: 34.635225
QMSlope1: 34.890597
QMSlope2: 34.398326
QMSlope3: 0.000000
QMSlope4: 0.000000
QMInt0: -19.476932
QMInt1: -41.213027
QMInt2: -19.744068
QMInt3: 0.000000
QMInt4: 0.000000
End Section Slope: 0.000000
End Section Int: 12.000000
PQD CE Factor: 9.015113
IsoW Slope: 0.000032
IsoW Int: 0.462707
Tickle Amp. Slope0: 0.000036
Tickle Amp. Int0: 0.014901
Tickle Amp. Slope1: 0.002000
Tickle Amp. Int1: 0.400000
Tickle Amp. Slope2: 0.002000
Tickle Amp. Int2: 0.400000
Tickle Amp. Slope3: 0.002000
Tickle Amp. Int3: 0.400000
Multiplier 1 Normal Gain (pos): -1688.437500

Multiplier 1 High Gain (pos):   -1892.812500
Multiplier 2 Normal Gain (pos): -1641.562500
Multiplier 2 High Gain (pos):   -1819.687500
Multiplier 1 Normal Gain (neg): -1495.312500
Multiplier 1 High Gain (neg):   -1633.437500
Multiplier 2 Normal Gain (neg): -1485.937500
Multiplier 2 High Gain (neg):   -1642.187500
Res. Eject Slope[0][0]: 0.025487
Res. Eject Intercept[0][0]:   0.626650
Res. Eject Slope[0][1]: 0.018189
Res. Eject Intercept[0][1]:   1.575415
Res. Eject Slope[0][2]: 0.015527
Res. Eject Intercept[0][2]:   2.134322
Res. Eject Slope[0][3]: 0.014102
Res. Eject Intercept[0][3]:   2.547623
Res. Eject Slope[0][4]: 0.013203
Res. Eject Intercept[0][4]:   2.880506
Res. Eject Slope[0][5]: 0.012578
Res. Eject Intercept[0][5]:   3.161379
Res. Eject Slope[0][6]: 0.012118
Res. Eject Intercept[0][6]:   3.405493
Res. Eject Slope[0][7]: 0.011763
Res. Eject Intercept[0][7]:   3.622089
Res. Eject Slope[0][8]: 0.011480
Res. Eject Intercept[0][8]:   3.817224
Res. Eject Slope[0][9]: 0.011249
Res. Eject Intercept[0][9]:   3.995105
Res. Eject Slope[0][10]:   0.011056
Res. Eject Intercept[0][10]:   4.158783
Res. Eject Slope[0][11]:   0.010893
Res. Eject Intercept[0][11]:   4.310544
Res. Eject Slope[0][12]:   0.010753
Res. Eject Intercept[0][12]:   4.452151
Res. Eject Slope[0][13]:   0.010578
Res. Eject Intercept[0][13]:   4.643304
Res. Eject Slope[0][14]:   0.010298
Res. Eject Intercept[0][14]:   4.993337
Res. Eject Slope[0][15]:   0.010014
Res. Eject Intercept[0][15]:   5.446614
Res. Eject Slope[0][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[0][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[0][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][0]: 0.007170
Res. Eject Intercept[1][0]:   0.414898
Res. Eject Slope[1][1]: 0.006705
Res. Eject Intercept[1][1]:   0.479197
Res. Eject Slope[1][2]: 0.005357
Res. Eject Intercept[1][2]:   0.742130
Res. Eject Slope[1][3]: 0.005706
Res. Eject Intercept[1][3]:   0.559401
Res. Eject Slope[1][4]: 0.004518
Res. Eject Intercept[1][4]:   1.772727
Res. Eject Slope[1][5]: 0.003460
Res. Eject Intercept[1][5]:   3.277056
Res. Eject Slope[1][6]: 0.004717
Res. Eject Intercept[1][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][7]: 0.004577
Res. Eject Intercept[1][7]:   0.000000

Res. Eject Slope[1][8]: 0.004475
Res. Eject Intercept[1][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][9]: 0.004396
Res. Eject Intercept[1][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[1][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[1][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][0]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][0]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][1]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][1]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][2]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][2]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][3]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][3]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][4]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][4]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][5]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][5]:   1.500000
Res. Eject Slope[2][6]: 0.005000
Res. Eject Intercept[2][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[2][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[2][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[2][19]:   0.000000

Res. Eject Intercept[2][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][0]: 0.035495
Res. Eject Intercept[3][0]:   1.833043
Res. Eject Slope[3][1]: 0.024498
Res. Eject Intercept[3][1]:   3.262729
Res. Eject Slope[3][2]: 0.020487
Res. Eject Intercept[3][2]:   4.104940
Res. Eject Slope[3][3]: 0.018339
Res. Eject Intercept[3][3]:   4.727740
Res. Eject Slope[3][4]: 0.016984
Res. Eject Intercept[3][4]:   5.229358
Res. Eject Slope[3][5]: 0.016043
Res. Eject Intercept[3][5]:   5.652603
Res. Eject Slope[3][6]: 0.015349
Res. Eject Intercept[3][6]:   6.020457
Res. Eject Slope[3][7]: 0.014814
Res. Eject Intercept[3][7]:   6.346843
Res. Eject Slope[3][8]: 0.014388
Res. Eject Intercept[3][8]:   6.640890
Res. Eject Slope[3][9]: 0.014040
Res. Eject Intercept[3][9]:   6.908938
Res. Eject Slope[3][10]:   0.013750
Res. Eject Intercept[3][10]:   7.155583
Res. Eject Slope[3][11]:   0.013504
Res. Eject Intercept[3][11]:   7.384270
Res. Eject Slope[3][12]:   0.013292
Res. Eject Intercept[3][12]:   7.597656
Res. Eject Slope[3][13]:   0.013028
Res. Eject Intercept[3][13]:   7.885703
Res. Eject Slope[3][14]:   0.012606
Res. Eject Intercept[3][14]:   8.413164
Res. Eject Slope[3][15]:   0.012179
Res. Eject Intercept[3][15]:   9.096204
Res. Eject Slope[3][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[3][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[3][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][0]: 0.013600
Res. Eject Intercept[4][0]:   14.750000
Res. Eject Slope[4][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][1]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][2]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][3]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][4]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][5]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[4][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[4][10]:   0.000000

Res. Eject Slope[4][11]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][11]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][12]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][12]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][13]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][13]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[4][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[4][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][0]: 0.001790
Res. Eject Intercept[5][0]: 7.570000
Res. Eject Slope[5][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][1]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][2]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][3]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][4]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][5]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][5]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][6]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][7]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][8]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][9]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][10]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][10]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][11]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][11]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][12]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][12]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][13]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][13]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[5][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[5][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[6][0]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][0]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][1]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][1]: 1.770000
Res. Eject Slope[6][2]: 0.004170

Res. Eject Intercept[6][2]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][3]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][3]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][4]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][4]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][5]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][5]:   1.770000
Res. Eject Slope[6][6]: 0.004170
Res. Eject Intercept[6][6]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][7]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][8]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[6][9]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][14]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][15]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][16]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][17]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][18]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[6][19]:   0.000000
Res. Eject Intercept[6][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][0]: 0.000242
Res. Eject Intercept[7][0]:   0.497958
Res. Eject Slope[7][1]: 0.000267
Res. Eject Intercept[7][1]:   0.494618
Res. Eject Slope[7][2]: 0.000344
Res. Eject Intercept[7][2]:   0.479564
Res. Eject Slope[7][3]: 0.000549
Res. Eject Intercept[7][3]:   0.371934
Res. Eject Slope[7][4]: 0.000749
Res. Eject Intercept[7][4]:   0.128023
Res. Eject Slope[7][5]: 0.000869
Res. Eject Intercept[7][5]:   -0.054620
Res. Eject Slope[7][6]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][6]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][7]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][7]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][8]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][8]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][9]: 0.000600
Res. Eject Intercept[7][9]:   0.500000
Res. Eject Slope[7][10]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][11]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][12]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[7][13]:   0.000000
Res. Eject Intercept[7][13]:   0.000000

Res. Eject Slope[7][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[7][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[7][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[7][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[7][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[7][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[7][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][0]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][0]: 0.600000
Res. Eject Slope[8][1]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][1]: 1.480000
Res. Eject Slope[8][2]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][2]: 1.480000
Res. Eject Slope[8][3]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][3]: 1.480000
Res. Eject Slope[8][4]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][4]: 1.480000
Res. Eject Slope[8][5]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][5]: 1.480000
Res. Eject Slope[8][6]: 0.002380
Res. Eject Intercept[8][6]: 0.800000
Res. Eject Slope[8][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][7]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][8]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][9]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][10]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][10]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][11]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][11]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][12]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][12]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][13]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][13]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][14]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][14]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][15]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][15]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][16]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][16]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][17]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][17]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][18]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][18]: 0.000000
Res. Eject Slope[8][19]: 0.000000
Res. Eject Intercept[8][19]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][0]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][0]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][1]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][1]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][2]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][2]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][3]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][3]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][4]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][4]: 0.000000
Res. Eject Slope[9][5]: 0.000000

```
Res. Eject Intercept[9][5]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][6]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][6]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][7]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][7]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][8]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][8]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][9]: 0.000000
Res. Eject Intercept[9][9]:     0.000000
Res. Eject Slope[9][10]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][10]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][11]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][11]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][12]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][12]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][13]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][13]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][14]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][14]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][15]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][15]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][16]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][16]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][17]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][17]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][18]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][18]:    0.000000
Res. Eject Slope[9][19]:        0.000000
Res. Eject Intercept[9][19]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][0]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][0]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][1]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][1]:    3.000000
Res. Eject Slope[10][2]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][2]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][3]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][3]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][4]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][4]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][5]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][5]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][6]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][6]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][7]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][7]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][8]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][8]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][9]:        0.000000
Res. Eject Intercept[10][9]:    0.000000
Res. Eject Slope[10][10]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][10]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][11]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][11]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][12]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][12]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][13]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][13]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][14]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][14]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][15]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][15]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][16]:   0.000000
```

```
Res. Eject Slope[10][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[10][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[10][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][0]:        0.014632
Res. Eject Intercept[11][0]:    0.430318
Res. Eject Slope[11][1]:        0.010996
Res. Eject Intercept[11][1]:    0.903070
Res. Eject Slope[11][2]:        0.009670
Res. Eject Intercept[11][2]:    1.181564
Res. Eject Slope[11][3]:        0.008959
Res. Eject Intercept[11][3]:    1.387504
Res. Eject Slope[11][4]:        0.008511
Res. Eject Intercept[11][4]:    1.553374
Res. Eject Slope[11][5]:        0.008200
Res. Eject Intercept[11][5]:    1.693327
Res. Eject Slope[11][6]:        0.007971
Res. Eject Intercept[11][6]:    1.814965
Res. Eject Slope[11][7]:        0.007794
Res. Eject Intercept[11][7]:    1.922891
Res. Eject Slope[11][8]:        0.007653
Res. Eject Intercept[11][8]:    2.020123
Res. Eject Slope[11][9]:        0.007538
Res. Eject Intercept[11][9]:    2.108758
Res. Eject Slope[11][10]:       0.007442
Res. Eject Intercept[11][10]:   2.190316
Res. Eject Slope[11][11]:       0.007360
Res. Eject Intercept[11][11]:   2.265936
Res. Eject Slope[11][12]:       0.007291
Res. Eject Intercept[11][12]:   2.336496
Res. Eject Slope[11][13]:       0.007203
Res. Eject Intercept[11][13]:   2.431744
Res. Eject Slope[11][14]:       0.007064
Res. Eject Intercept[11][14]:   2.606159
Res. Eject Slope[11][15]:       0.006922
Res. Eject Intercept[11][15]:   2.832019
Res. Eject Slope[11][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[11][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[11][19]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][0]:        0.028457
Res. Eject Intercept[12][0]:    1.352886
Res. Eject Slope[12][1]:        0.020867
Res. Eject Intercept[12][1]:    2.339503
Res. Eject Slope[12][2]:        0.018100
Res. Eject Intercept[12][2]:    2.920708
Res. Eject Slope[12][3]:        0.016618
Res. Eject Intercept[12][3]:    3.350498
Res. Eject Slope[12][4]:        0.015682
Res. Eject Intercept[12][4]:    3.696662
Res. Eject Slope[12][5]:        0.015033
Res. Eject Intercept[12][5]:    3.988740
Res. Eject Slope[12][6]:        0.014554
Res. Eject Intercept[12][6]:    4.242595
Res. Eject Slope[12][7]:        0.014185
Res. Eject Intercept[12][7]:    4.467831
Res. Eject Slope[12][8]:        0.013891
```

```
Res. Eject Intercept[12][8]:    4.670751
Res. Eject Slope[12][9]:        0.013651
Res. Eject Intercept[12][9]:    4.855729
Res. Eject Slope[12][10]:       0.013450
Res. Eject Intercept[12][10]:   5.025937
Res. Eject Slope[12][11]:       0.013281
Res. Eject Intercept[12][11]:   5.183753
Res. Eject Slope[12][12]:       0.013135
Res. Eject Intercept[12][12]:   5.331009
Res. Eject Slope[12][13]:       0.012952
Res. Eject Intercept[12][13]:   5.529789
Res. Eject Slope[12][14]:       0.012661
Res. Eject Intercept[12][14]:   5.893787
Res. Eject Slope[12][15]:       0.012367
Res. Eject Intercept[12][15]:   6.365148
Res. Eject Slope[12][16]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][16]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][17]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][17]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][18]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][18]:   0.000000
Res. Eject Slope[12][19]:       0.000000
Res. Eject Intercept[12][19]:   0.000000
Mass Slope[0][0]:       27.102470
Mass Intercept[0][0]:   60.445622
Mass Slope[0][1]:       27.097315
Mass Intercept[0][1]:   61.115825
Mass Slope[0][2]:       27.093063
Mass Intercept[0][2]:   62.008730
Mass Slope[0][3]:       27.089556
Mass Intercept[0][3]:   63.025696
Mass Slope[0][4]:       27.086664
Mass Intercept[0][4]:   64.095817
Mass Slope[0][5]:       27.084279
Mass Intercept[0][5]:   65.169228
Mass Slope[0][6]:       27.082311
Mass Intercept[0][6]:   66.211911
Mass Slope[0][7]:       27.080689
Mass Intercept[0][7]:   67.201668
Mass Slope[0][8]:       27.079351
Mass Intercept[0][8]:   68.125026
Mass Slope[0][9]:       27.078247
Mass Intercept[0][9]:   68.974861
Mass Slope[0][10]:      27.077337
Mass Intercept[0][10]:  69.748584
Mass Slope[0][11]:      27.076586
Mass Intercept[0][11]:  70.446771
Mass Slope[0][12]:      27.075967
Mass Intercept[0][12]:  71.072135
Mass Slope[0][13]:      27.075246
Mass Intercept[0][13]:  71.858295
Mass Slope[0][14]:      27.074267
Mass Intercept[0][14]:  73.081172
Mass Slope[0][15]:      27.073549
Mass Intercept[0][15]:  74.229621
Mass Slope[0][16]:      0.000000
Mass Intercept[0][16]:  0.000000
Mass Slope[0][17]:      0.000000
Mass Intercept[0][17]:  0.000000
Mass Slope[0][18]:      0.000000
Mass Intercept[0][18]:  0.000000
Mass Slope[0][19]:      0.000000
Mass Intercept[0][19]:  0.000000
```

```
Mass Slope[1][0]:       27.093303
Mass Intercept[1][0]:   -13.806570
Mass Slope[1][1]:       27.085510
Mass Intercept[1][1]:   -12.730696
Mass Slope[1][2]:       27.101999
Mass Intercept[1][2]:   -15.947529
Mass Slope[1][3]:       27.090155
Mass Intercept[1][3]:   -9.737972
Mass Slope[1][4]:       27.102862
Mass Intercept[1][4]:   -22.724883
Mass Slope[1][5]:       27.112111
Mass Intercept[1][5]:   -35.876297
Mass Slope[1][6]:       27.112111
Mass Intercept[1][6]:   -35.876297
Mass Slope[1][7]:       27.101121
Mass Intercept[1][7]:   -7.965532
Mass Slope[1][8]:       27.101121
Mass Intercept[1][8]:   -7.965532
Mass Slope[1][9]:       27.101121
Mass Intercept[1][9]:   -7.965532
Mass Slope[1][10]:      27.101121
Mass Intercept[1][10]:  -7.965532
Mass Slope[1][11]:      27.101121
Mass Intercept[1][11]:  -7.965532
Mass Slope[1][12]:      27.101121
Mass Intercept[1][12]:  -7.965532
Mass Slope[1][13]:      27.101121
Mass Intercept[1][13]:  -7.965532
Mass Slope[1][14]:      27.101121
Mass Intercept[1][14]:  -7.965532
Mass Slope[1][15]:      27.101121
Mass Intercept[1][15]:  -7.965532
Mass Slope[1][16]:      0.000000
Mass Intercept[1][16]:  0.000000
Mass Slope[1][17]:      0.000000
Mass Intercept[1][17]:  0.000000
Mass Slope[1][18]:      0.000000
Mass Intercept[1][18]:  0.000000
Mass Slope[1][19]:      0.000000
Mass Intercept[1][19]:  0.000000
Mass Slope[2][0]:       13.626231
Mass Intercept[2][0]:   1.700388
Mass Slope[2][1]:       13.589088
Mass Intercept[2][1]:   24.126442
Mass Slope[2][2]:       13.582934
Mass Intercept[2][2]:   32.846427
Mass Slope[2][3]:       13.575041
Mass Intercept[2][3]:   51.966526
Mass Slope[2][4]:       13.579161
Mass Intercept[2][4]:   40.072446
Mass Slope[2][5]:       13.583870
Mass Intercept[2][5]:   24.289591
Mass Slope[2][6]:       3.111150
Mass Intercept[2][6]:   0.000000
Mass Slope[2][7]:       0.000000
Mass Intercept[2][7]:   0.000000
Mass Slope[2][8]:       0.000000
Mass Intercept[2][8]:   0.000000
Mass Slope[2][9]:       0.000000
Mass Intercept[2][9]:   0.000000
Mass Slope[2][10]:      0.000000
Mass Intercept[2][10]:  0.000000
Mass Slope[2][11]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[2][11]:  0.000000
Mass Slope[2][12]:      0.000000
Mass Intercept[2][12]:  0.000000
Mass Slope[2][13]:      0.000000
Mass Intercept[2][13]:  0.000000
Mass Slope[2][14]:      0.000000
Mass Intercept[2][14]:  0.000000
Mass Slope[2][15]:      0.000000
Mass Intercept[2][15]:  0.000000
Mass Slope[2][16]:      0.000000
Mass Intercept[2][16]:  0.000000
Mass Slope[2][17]:      0.000000
Mass Intercept[2][17]:  0.000000
Mass Slope[2][18]:      0.000000
Mass Intercept[2][18]:  0.000000
Mass Slope[2][19]:      0.000000
Mass Intercept[2][19]:  0.000000
Mass Slope[3][0]:       27.299397
Mass Intercept[3][0]:   237.939355
Mass Slope[3][1]:       27.204799
Mass Intercept[3][1]:   250.237134
Mass Slope[3][2]:       27.170301
Mass Intercept[3][2]:   257.481615
Mass Slope[3][3]:       27.151828
Mass Intercept[3][3]:   262.838773
Mass Slope[3][4]:       27.140167
Mass Intercept[3][4]:   267.153559
Mass Slope[3][5]:       27.132076
Mass Intercept[3][5]:   270.794194
Mass Slope[3][6]:       27.126106
Mass Intercept[3][6]:   273.958382
Mass Slope[3][7]:       27.121504
Mass Intercept[3][7]:   276.765865
Mass Slope[3][8]:       27.117838
Mass Intercept[3][8]:   279.295178
Mass Slope[3][9]:       27.114844
Mass Intercept[3][9]:   281.600855
Mass Slope[3][10]:      27.112348
Mass Intercept[3][10]:  283.722428
Mass Slope[3][11]:      27.110232
Mass Intercept[3][11]:  285.689539
Mass Slope[3][12]:      27.108415
Mass Intercept[3][12]:  287.525023
Mass Slope[3][13]:      27.106142
Mass Intercept[3][13]:  290.002729
Mass Slope[3][14]:      27.102512
Mass Intercept[3][14]:  294.539810
Mass Slope[3][15]:      27.098840
Mass Intercept[3][15]:  300.415133
Mass Slope[3][16]:      0.000000
Mass Intercept[3][16]:  0.000000
Mass Slope[3][17]:      0.000000
Mass Intercept[3][17]:  0.000000
Mass Slope[3][18]:      0.000000
Mass Intercept[3][18]:  0.000000
Mass Slope[3][19]:      0.000000
Mass Intercept[3][19]:  0.000000
Mass Slope[4][0]:       27.204799
Mass Intercept[4][0]:   250.237134
Mass Slope[4][1]:       27.699034
Mass Intercept[4][1]:   191.989436
Mass Slope[4][2]:       27.699034
Mass Intercept[4][2]:   191.989436
```

```
Mass Slope[4][3]:       27.699034
Mass Intercept[4][3]:   191.989436
Mass Slope[4][4]:       27.699034
Mass Intercept[4][4]:   191.989436
Mass Slope[4][5]:       27.699034
Mass Intercept[4][5]:   191.989436
Mass Slope[4][6]:       0.000000
Mass Intercept[4][6]:   0.000000
Mass Slope[4][7]:       0.000000
Mass Intercept[4][7]:   0.000000
Mass Slope[4][8]:       0.000000
Mass Intercept[4][8]:   0.000000
Mass Slope[4][9]:       0.000000
Mass Intercept[4][9]:   0.000000
Mass Slope[4][10]:      0.000000
Mass Intercept[4][10]:  0.000000
Mass Slope[4][11]:      0.000000
Mass Intercept[4][11]:  0.000000
Mass Slope[4][12]:      0.000000
Mass Intercept[4][12]:  0.000000
Mass Slope[4][13]:      0.000000
Mass Intercept[4][13]:  0.000000
Mass Slope[4][14]:      0.000000
Mass Intercept[4][14]:  0.000000
Mass Slope[4][15]:      0.000000
Mass Intercept[4][15]:  0.000000
Mass Slope[4][16]:      0.000000
Mass Intercept[4][16]:  0.000000
Mass Slope[4][17]:      0.000000
Mass Intercept[4][17]:  0.000000
Mass Slope[4][18]:      0.000000
Mass Intercept[4][18]:  0.000000
Mass Slope[4][19]:      0.000000
Mass Intercept[4][19]:  0.000000
Mass Slope[5][0]:       13.714087
Mass Intercept[5][0]:   -18.234487
Mass Slope[5][1]:       13.756474
Mass Intercept[5][1]:   -34.067602
Mass Slope[5][2]:       13.756474
Mass Intercept[5][2]:   -34.067602
Mass Slope[5][3]:       13.756474
Mass Intercept[5][3]:   -34.067602
Mass Slope[5][4]:       13.756474
Mass Intercept[5][4]:   -34.067602
Mass Slope[5][5]:       13.756474
Mass Intercept[5][5]:   -34.067602
Mass Slope[5][6]:       0.000000
Mass Intercept[5][6]:   0.000000
Mass Slope[5][7]:       0.000000
Mass Intercept[5][7]:   0.000000
Mass Slope[5][8]:       0.000000
Mass Intercept[5][8]:   0.000000
Mass Slope[5][9]:       0.000000
Mass Intercept[5][9]:   0.000000
Mass Slope[5][10]:      0.000000
Mass Intercept[5][10]:  0.000000
Mass Slope[5][11]:      0.000000
Mass Intercept[5][11]:  0.000000
Mass Slope[5][12]:      0.000000
Mass Intercept[5][12]:  0.000000
Mass Slope[5][13]:      0.000000
Mass Intercept[5][13]:  0.000000
Mass Slope[5][14]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[5][14]:  0.000000
Mass Slope[5][15]:      0.000000
Mass Intercept[5][15]:  0.000000
Mass Slope[5][16]:      0.000000
Mass Intercept[5][16]:  0.000000
Mass Slope[5][17]:      0.000000
Mass Intercept[5][17]:  0.000000
Mass Slope[5][18]:      0.000000
Mass Intercept[5][18]:  0.000000
Mass Slope[5][19]:      0.000000
Mass Intercept[5][19]:  0.000000
Mass Slope[6][0]:       13.617656
Mass Intercept[6][0]:   -24.192335
Mass Slope[6][1]:       13.600412
Mass Intercept[6][1]:   -13.787126
Mass Slope[6][2]:       13.592097
Mass Intercept[6][2]:   -2.012743
Mass Slope[6][3]:       13.591291
Mass Intercept[6][3]:   -0.062677
Mass Slope[6][4]:       13.590000
Mass Intercept[6][4]:   3.664115
Mass Slope[6][5]:       13.591418
Mass Intercept[6][5]:   -1.087090
Mass Slope[6][6]:       0.000000
Mass Intercept[6][6]:   1.013404
Mass Slope[6][7]:       0.000000
Mass Intercept[6][7]:   0.000000
Mass Slope[6][8]:       0.000000
Mass Intercept[6][8]:   0.000000
Mass Slope[6][9]:       0.000000
Mass Intercept[6][9]:   0.000000
Mass Slope[6][10]:      0.000000
Mass Intercept[6][10]:  0.000000
Mass Slope[6][11]:      0.000000
Mass Intercept[6][11]:  0.000000
Mass Slope[6][12]:      0.000000
Mass Intercept[6][12]:  0.000000
Mass Slope[6][13]:      0.000000
Mass Intercept[6][13]:  0.000000
Mass Slope[6][14]:      0.000000
Mass Intercept[6][14]:  0.000000
Mass Slope[6][15]:      0.000000
Mass Intercept[6][15]:  0.000000
Mass Slope[6][16]:      0.000000
Mass Intercept[6][16]:  0.000000
Mass Slope[6][17]:      0.000000
Mass Intercept[6][17]:  0.000000
Mass Slope[6][18]:      0.000000
Mass Intercept[6][18]:  0.000000
Mass Slope[6][19]:      0.000000
Mass Intercept[6][19]:  0.000000
Mass Slope[7][0]:       27.117535
Mass Intercept[7][0]:   -27.496069
Mass Slope[7][1]:       27.130247
Mass Intercept[7][1]:   -29.111769
Mass Slope[7][2]:       27.129723
Mass Intercept[7][2]:   -29.015294
Mass Slope[7][3]:       27.129471
Mass Intercept[7][3]:   -28.885901
Mass Slope[7][4]:       27.128771
Mass Intercept[7][4]:   -28.177870
Mass Slope[7][5]:       27.126553
Mass Intercept[7][5]:   -25.046937
```

```
Mass Slope[7][6]:       27.130163
Mass Intercept[7][6]:   -30.195263
Mass Slope[7][7]:       27.101121
Mass Intercept[7][7]:   -12.964228
Mass Slope[7][8]:       27.101121
Mass Intercept[7][8]:   -12.964228
Mass Slope[7][9]:       27.101121
Mass Intercept[7][9]:   -12.964228
Mass Slope[7][10]:      27.101121
Mass Intercept[7][10]:  -12.964228
Mass Slope[7][11]:      27.101121
Mass Intercept[7][11]:  -12.964228
Mass Slope[7][12]:      27.101121
Mass Intercept[7][12]:  -12.964228
Mass Slope[7][13]:      27.101121
Mass Intercept[7][13]:  -12.964228
Mass Slope[7][14]:      27.101121
Mass Intercept[7][14]:  -12.964228
Mass Slope[7][15]:      27.101121
Mass Intercept[7][15]:  -12.964228
Mass Slope[7][16]:      0.000000
Mass Intercept[7][16]:  0.000000
Mass Slope[7][17]:      0.000000
Mass Intercept[7][17]:  0.000000
Mass Slope[7][18]:      0.000000
Mass Intercept[7][18]:  0.000000
Mass Slope[7][19]:      0.000000
Mass Intercept[7][19]:  0.000000
Mass Slope[8][0]:       13.610471
Mass Intercept[8][0]:   -24.778624
Mass Slope[8][1]:       13.608310
Mass Intercept[8][1]:   -23.474432
Mass Slope[8][2]:       13.607784
Mass Intercept[8][2]:   -22.729252
Mass Slope[8][3]:       13.608505
Mass Intercept[8][3]:   -24.475385
Mass Slope[8][4]:       13.609121
Mass Intercept[8][4]:   -26.254220
Mass Slope[8][5]:       13.610081
Mass Intercept[8][5]:   -29.469494
Mass Slope[8][6]:       0.000000
Mass Intercept[8][6]:   0.000000
Mass Slope[8][7]:       0.000000
Mass Intercept[8][7]:   0.000000
Mass Slope[8][8]:       0.000000
Mass Intercept[8][8]:   0.000000
Mass Slope[8][9]:       0.000000
Mass Intercept[8][9]:   0.000000
Mass Slope[8][10]:      0.000000
Mass Intercept[8][10]:  0.000000
Mass Slope[8][11]:      0.000000
Mass Intercept[8][11]:  0.000000
Mass Slope[8][12]:      0.000000
Mass Intercept[8][12]:  0.000000
Mass Slope[8][13]:      0.000000
Mass Intercept[8][13]:  0.000000
Mass Slope[8][14]:      0.000000
Mass Intercept[8][14]:  0.000000
Mass Slope[8][15]:      0.000000
Mass Intercept[8][15]:  0.000000
Mass Slope[8][16]:      0.000000
Mass Intercept[8][16]:  0.000000
Mass Slope[8][17]:      0.000000
```

```
Mass Intercept[8][17]:  0.000000
Mass Slope[8][18]:      0.000000
Mass Intercept[8][18]:  0.000000
Mass Slope[8][19]:      0.000000
Mass Intercept[8][19]:  0.000000
Mass Slope[9][0]:       9.748491
Mass Intercept[9][0]:   1.015468
Mass Slope[9][1]:       9.748491
Mass Intercept[9][1]:   1.015468
Mass Slope[9][2]:       9.748491
Mass Intercept[9][2]:   1.015468
Mass Slope[9][3]:       9.748491
Mass Intercept[9][3]:   1.015468
Mass Slope[9][4]:       9.748491
Mass Intercept[9][4]:   1.015468
Mass Slope[9][5]:       9.748491
Mass Intercept[9][5]:   1.015468
Mass Slope[9][6]:       0.000000
Mass Intercept[9][6]:   1.013404
Mass Slope[9][7]:       0.000000
Mass Intercept[9][7]:   0.000000
Mass Slope[9][8]:       0.000000
Mass Intercept[9][8]:   0.000000
Mass Slope[9][9]:       0.000000
Mass Intercept[9][9]:   0.000000
Mass Slope[9][10]:      0.000000
Mass Intercept[9][10]:  0.000000
Mass Slope[9][11]:      0.000000
Mass Intercept[9][11]:  0.000000
Mass Slope[9][12]:      0.000000
Mass Intercept[9][12]:  0.000000
Mass Slope[9][13]:      0.000000
Mass Intercept[9][13]:  0.000000
Mass Slope[9][14]:      0.000000
Mass Intercept[9][14]:  0.000000
Mass Slope[9][15]:      0.000000
Mass Intercept[9][15]:  0.000000
Mass Slope[9][16]:      0.000000
Mass Intercept[9][16]:  0.000000
Mass Slope[9][17]:      0.000000
Mass Intercept[9][17]:  0.000000
Mass Slope[9][18]:      0.000000
Mass Intercept[9][18]:  0.000000
Mass Slope[9][19]:      0.000000
Mass Intercept[9][19]:  0.000000
Mass Slope[10][0]:      9.748491
Mass Intercept[10][0]:  1.015468
Mass Slope[10][1]:      9.748491
Mass Intercept[10][1]:  1.015468
Mass Slope[10][2]:      9.748491
Mass Intercept[10][2]:  1.015468
Mass Slope[10][3]:      9.748491
Mass Intercept[10][3]:  1.015468
Mass Slope[10][4]:      9.748491
Mass Intercept[10][4]:  1.015468
Mass Slope[10][5]:      9.748491
Mass Intercept[10][5]:  1.015468
Mass Slope[10][6]:      0.000000
Mass Intercept[10][6]:  0.000000
Mass Slope[10][7]:      0.000000
Mass Intercept[10][7]:  0.000000
Mass Slope[10][8]:      0.000000
Mass Intercept[10][8]:  0.000000
```

```
Mass Slope[10][9]:      0.000000
Mass Intercept[10][9]:  0.000000
Mass Slope[10][10]:     0.000000
Mass Intercept[10][10]: 0.000000
Mass Slope[10][11]:     0.000000
Mass Intercept[10][11]: 0.000000
Mass Slope[10][12]:     0.000000
Mass Intercept[10][12]: 0.000000
Mass Slope[10][13]:     0.000000
Mass Intercept[10][13]: 0.000000
Mass Slope[10][14]:     0.000000
Mass Intercept[10][14]: 0.000000
Mass Slope[10][15]:     0.000000
Mass Intercept[10][15]: 0.000000
Mass Slope[10][16]:     0.000000
Mass Intercept[10][16]: 0.000000
Mass Slope[10][17]:     0.000000
Mass Intercept[10][17]: 0.000000
Mass Slope[10][18]:     0.000000
Mass Intercept[10][18]: 0.000000
Mass Slope[10][19]:     0.000000
Mass Intercept[10][19]: 0.000000
Mass Slope[11][0]:      27.101249
Mass Intercept[11][0]:  6.930530
Mass Slope[11][1]:      27.094293
Mass Intercept[11][1]:  7.834849
Mass Slope[11][2]:      27.091756
Mass Intercept[11][2]:  8.367573
Mass Slope[11][3]:      27.090398
Mass Intercept[11][3]:  8.761513
Mass Slope[11][4]:      27.089540
Mass Intercept[11][4]:  9.078801
Mass Slope[11][5]:      27.088946
Mass Intercept[11][5]:  9.346516
Mass Slope[11][6]:      27.088506
Mass Intercept[11][6]:  9.579195
Mass Slope[11][7]:      27.088168
Mass Intercept[11][7]:  9.785643
Mass Slope[11][8]:      27.087898
Mass Intercept[11][8]:  9.971637
Mass Slope[11][9]:      27.087678
Mass Intercept[11][9]:  10.141185
Mass Slope[11][10]:     27.087495
Mass Intercept[11][10]: 10.297195
Mass Slope[11][11]:     27.087339
Mass Intercept[11][11]: 10.441847
Mass Slope[11][12]:     27.087206
Mass Intercept[11][12]: 10.576820
Mass Slope[11][13]:     27.087038
Mass Intercept[11][13]: 10.759018
Mass Slope[11][14]:     27.086772
Mass Intercept[11][14]: 11.092653
Mass Slope[11][15]:     27.086501
Mass Intercept[11][15]: 11.524696
Mass Slope[11][16]:     0.000000
Mass Intercept[11][16]: 0.000000
Mass Slope[11][17]:     0.000000
Mass Intercept[11][17]: 0.000000
Mass Slope[11][18]:     0.000000
Mass Intercept[11][18]: 0.000000
Mass Slope[11][19]:     0.000000
Mass Intercept[11][19]: 0.000000
Mass Slope[12][0]:      27.164191
```

```
Mass Intercept[12][0]:  125.778689
Mass Slope[12][1]:      27.144970
Mass Intercept[12][1]:  128.277379
Mass Slope[12][2]:      27.129728
Mass Intercept[12][2]:  131.478327
Mass Slope[12][3]:      27.117640
Mass Intercept[12][3]:  134.983809
Mass Slope[12][4]:      27.108054
Mass Intercept[12][4]:  138.530652
Mass Slope[12][5]:      27.100452
Mass Intercept[12][5]:  141.951575
Mass Slope[12][6]:      27.094423
Mass Intercept[12][6]:  145.146768
Mass Slope[12][7]:      27.089642
Mass Intercept[12][7]:  148.063130
Mass Slope[12][8]:      27.085851
Mass Intercept[12][8]:  150.679211
Mass Slope[12][9]:      27.082844
Mass Intercept[12][9]:  152.994383
Mass Slope[12][10]:     27.080459
Mass Intercept[12][10]: 155.021141
Mass Slope[12][11]:     27.078568
Mass Intercept[12][11]: 156.779698
Mass Slope[12][12]:     27.077069
Mass Intercept[12][12]: 158.294254
Mass Slope[12][13]:     27.075408
Mass Intercept[12][13]: 160.104455
Mass Slope[12][14]:     27.073340
Mass Intercept[12][14]: 162.689162
Mass Slope[12][15]:     27.072012
Mass Intercept[12][15]: 164.814267
Mass Slope[12][16]:     0.000000
Mass Intercept[12][16]: 0.000000
Mass Slope[12][17]:     0.000000
Mass Intercept[12][17]: 0.000000
Mass Slope[12][18]:     0.000000
Mass Intercept[12][18]: 0.000000
Mass Slope[12][19]:     0.000000
Mass Intercept[12][19]: 0.000000
Vernier Fine Mass Slope:        427.869345
Vernier Fine Mass Intercept:    0.000000
Vernier Coarse Mass Slope:      0.000000
Vernier Coarse Mass Intercept:  0.000000
Center Lens High-Low Transfer (pos) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (pos) (V):       -0.85
Center Lens High-Low Transfer (neg) (V):        0.86
Back Section High-Low Transfer (neg) (V):       0.66
Center Lens Low-High Transfer (pos) (V):        -1.53
Front Section Low-High Transfer (pos) (V):      -2.52
Center Lens Low-High Transfer (neg) (V):        2.20
Front Section Low-High Transfer (neg) (V):      2.41
Scan Phase 0:   29.500000
Scan Phase 1:   74.000000
Scan Phase 2:   0.000000
Scan Phase 3:   0.000000
Scan Phase 4:   0.000000
Scan Phase 5:   0.000000
Scan Phase 6:   28.400000
Scan Phase 7:   0.000000
Scan Phase 8:   37.960000
Scan Phase 9:   0.000000
Scan Phase 10:  0.000000
Scan Phase 11:  0.000000
```

Scan Phase 12: 0.000000
Multiplier 1 Res Ej Phase (pos): 126.285714
Multiplier 2 Res Ej Phase (pos): 92.857143
Multiplier 1 Res Ej Phase (neg): 16.714286
Multiplier 2 Res Ej Phase (neg): 92.857143
Cap. Device Min (V): 0.000000
Cap. Device Max (V): 0.000000
Tube Lens Device Min (V): 0.000000
Tube Lens Device Max (V): 0.000000
Skimmer Device Min (V): 0.000000
Skimmer Device Max (V): 0.000000
Multipole 00 Device Min (V): -139.484925
Multipole 00 Device Max (V): 139.077014
Lens 0 Device Min (V): -140.946957
Lens 0 Device Max (V): 140.685799
Gate Lens Device Min (V): -136.424515
Gate Lens Device Max (V): 136.174021
Split Gate Device Min (V): 0.139803
Split Gate Device Max (V): 0.022071
Multipole 0 Device Min (V): -139.492374
Multipole 0 Device Max (V): 139.259890
Lens 1 Device Min (V): -140.341539
Lens 1 Device Max (V): 140.195648
Multipole 1 Device Min (V): -140.900431
Multipole 1 Device Max (V): 140.795239
Front Lens Device Min (V): -140.815614
Front Lens Device Max (V): 140.728086
Front Section Device Min (V): -142.442699
Front Section Device Max (V): 142.073479
Center Section Device Min (V): -142.892511
Center Section Device Max (V): 142.945802
Back Section Device Min (V): -143.206180
Back Section Device Max (V): 143.134038
Back Lens Device Min (V): 0.000000
Back Lens Device Max (V): 0.000000
Center Lens LPT Device Min (V): -144.302042
Center Lens LPT Device Max (V): 144.157527
Front Section LPT Device Min (V): -142.989346
Front Section LPT Device Max (V): 142.741764
Center Section LPT Device Min (V): -143.396832
Center Section LPT Device Max (V): 142.874578
Back Section LPT Device Min (V): -141.673488
Back Section LPT Device Max (V): 141.881634
FT Cal. Item 1: 319.000000
FT Cal. Item 2: 5.250000
FT Cal. Item 3: 5.250000
FT Cal. Item 4: 2.000000
FT Cal. Item 5: 2.000000
FT Cal. Item 6: 8.000000
FT Cal. Item 7: 8.000000
FT Cal. Item 8: 8.000000
FT Cal. Item 9: 8.000000
FT Cal. Item 10: 5.850000
FT Cal. Item 11: 5.850000
FT Cal. Item 12: 4.500000
FT Cal. Item 13: 4.500000
FT Cal. Item 14: 8.000000
FT Cal. Item 15: 8.000000
FT Cal. Item 16: 8.000000
FT Cal. Item 17: 8.000000
FT Cal. Item 18: 18.000000
FT Cal. Item 19: 18.000000
FT Cal. Item 20: 18.000000

```
FT Cal. Item 21:        18.000000
FT Cal. Item 22:        500.000000
FT Cal. Item 23:        350.000000
FT Cal. Item 24:        500.000000
FT Cal. Item 25:        350.000000
FT Cal. Item 26:        500.000000
FT Cal. Item 27:        300.000000
FT Cal. Item 28:        500.000000
FT Cal. Item 29:        300.000000
FT Cal. Item 30:        6.000000
FT Cal. Item 31:        6.000000
FT Cal. Item 32:        6.000000
FT Cal. Item 33:        6.000000
FT Cal. Item 34:        15.000000
FT Cal. Item 35:        15.000000
FT Cal. Item 36:        15.000000
FT Cal. Item 37:        15.000000
FT Cal. Item 38:        5.000000
FT Cal. Item 39:        5.000000
FT Cal. Item 40:        5.000000
FT Cal. Item 41:        5.000000
FT Cal. Item 42:        250.000000
FT Cal. Item 43:        250.000000
FT Cal. Item 44:        250.000000
FT Cal. Item 45:        250.000000
FT Cal. Item 46:        250.000000
FT Cal. Item 47:        250.000000
FT Cal. Item 48:        250.000000
FT Cal. Item 49:        250.000000
FT Cal. Item 50:        160.000000
FT Cal. Item 51:        160.000000
FT Cal. Item 52:        200.000000
FT Cal. Item 53:        200.000000
FT Cal. Item 54:        0.000000
FT Cal. Item 55:        0.000000
FT Cal. Item 56:        0.000000
FT Cal. Item 57:        0.000000
FT Cal. Item 58:        170.000000
FT Cal. Item 59:        170.000000
FT Cal. Item 60:        185.000000
FT Cal. Item 61:        185.000000
FT Cal. Item 62:        0.000000
FT Cal. Item 63:        0.000000
FT Cal. Item 64:        0.000000
FT Cal. Item 65:        0.000000
FT Cal. Item 66:        150.635674
FT Cal. Item 67:        150.635674
FT Cal. Item 68:        130.635674
FT Cal. Item 69:        130.635674
FT Cal. Item 70:        197.590823
FT Cal. Item 71:        197.590823
FT Cal. Item 72:        222.590823
FT Cal. Item 73:        222.590823
FT Cal. Item 74:        1001.425705
FT Cal. Item 75:        1001.425705
FT Cal. Item 76:        1011.425705
FT Cal. Item 77:        1011.425705
FT Cal. Item 78:        5.000000
FT Cal. Item 79:        47460925.035297
FT Cal. Item 80:        47460925.035297
FT Cal. Item 81:        47460925.035297
FT Cal. Item 82:        47460925.035297
FT Cal. Item 83:        46000100.000000
```

```
FT Cal. Item 84:        46000100.000000
FT Cal. Item 85:        46000100.000000
FT Cal. Item 86:        46000100.000000
FT Cal. Item 87:        47460377.600313
FT Cal. Item 88:        47460377.600313
FT Cal. Item 89:        47460377.600313
FT Cal. Item 90:        47460377.600313
FT Cal. Item 91:        46000000.000000
FT Cal. Item 92:        46000000.000000
FT Cal. Item 93:        46000000.000000
FT Cal. Item 94:        46000000.000000
FT Cal. Item 95:        8000000.000000
FT Cal. Item 96:        8000000.000000
FT Cal. Item 97:        8000000.000000
FT Cal. Item 98:        8000000.000000
FT Cal. Item 99:        8000016.000000
FT Cal. Item 100:       8000016.000000
FT Cal. Item 101:       8000016.000000
FT Cal. Item 102:       8000016.000000
FT Cal. Item 103:       8000000.000000
FT Cal. Item 104:       8000000.000000
FT Cal. Item 105:       8000000.000000
FT Cal. Item 106:       8000000.000000
FT Cal. Item 107:       8000000.000000
FT Cal. Item 108:       8000000.000000
FT Cal. Item 109:       8000000.000000
FT Cal. Item 110:       8000000.000000
FT Cal. Item 111:       842249.062500
FT Cal. Item 112:       2490916.000000
FT Cal. Item 113:       6332360.500000
FT Cal. Item 114:       11654674.000000
FT Cal. Item 115:       842249.062500
FT Cal. Item 116:       2490916.000000
FT Cal. Item 117:       6332360.500000
FT Cal. Item 118:       11654674.000000
FT Cal. Item 119:       669080.375000
FT Cal. Item 120:       1976239.500000
FT Cal. Item 121:       5535230.000000
FT Cal. Item 122:       9166223.000000
FT Cal. Item 123:       669080.375000
FT Cal. Item 124:       1976239.500000
FT Cal. Item 125:       5535230.000000
FT Cal. Item 126:       9166223.000000
FT Cal. Item 127:       376257.491122
FT Cal. Item 128:       368606.323614
FT Cal. Item 129:       370808.508697
FT Cal. Item 130:       368606.323614
FT Cal. Item 131:       -0.750000
FT Cal. Item 132:       -0.750000
FT Cal. Item 133:       -1.000000
FT Cal. Item 134:       -1.000000
FT Cal. Item 135:       -41.250000
FT Cal. Item 136:       -41.250000
FT Cal. Item 137:       -40.000000
FT Cal. Item 138:       -40.000000
FT Cal. Item 139:       -25.000000
FT Cal. Item 140:       -25.000000
FT Cal. Item 141:       -15.000000
FT Cal. Item 142:       -15.000000
FT Cal. Item 143:       60.000000
FT Cal. Item 144:       60.000000
FT Cal. Item 145:       50.000000
FT Cal. Item 146:       50.000000
```

```
FT Cal. Item 147:       50.000000
FT Cal. Item 148:       50.000000
FT Cal. Item 149:       50.000000
FT Cal. Item 150:       50.000000
FT Cal. Item 151:       -13.500000
FT Cal. Item 152:       -13.500000
FT Cal. Item 153:       -15.000000
FT Cal. Item 154:       -15.000000
FT Cal. Item 155:       -0.500000
FT Cal. Item 156:       -0.500000
FT Cal. Item 157:       -1.000000
FT Cal. Item 158:       -1.000000
FT Cal. Item 159:       2300.000000
FT Cal. Item 160:       2300.000000
FT Cal. Item 161:       2300.000000
FT Cal. Item 162:       2300.000000
FT Cal. Item 163:       0.200000
FT Cal. Item 164:       0.200000
FT Cal. Item 165:       0.200000
FT Cal. Item 166:       0.200000
FT Cal. Item 167:       2141.513732
FT Cal. Item 168:       2141.513732
FT Cal. Item 169:       2141.513732
FT Cal. Item 170:       2141.513732
FT Cal. Item 171:       3500.000000
FT Cal. Item 172:       3500.000000
FT Cal. Item 173:       3500.000000
FT Cal. Item 174:       3500.000000
FT Cal. Item 175:       27.878338
FT Cal. Item 176:       27.878338
FT Cal. Item 177:       17.878338
FT Cal. Item 178:       17.878338
FT Cal. Item 179:       378.805489
FT Cal. Item 180:       378.805489
FT Cal. Item 181:       348.805489
FT Cal. Item 182:       348.805489
FT Cal. Item 183:       25.991767
FT Cal. Item 184:       0.000000
FT Cal. Item 185:       25.997980
FT Cal. Item 186:       0.000000
FT Cal. Item 187:       26.576505
FT Cal. Item 188:       -47.700000
FT Cal. Item 189:       -74.100000
FT Cal. Item 190:       50.000000
FT Cal. Item 191:       1381722.000000
FT Cal. Item 192:       1381722.000000
FT Cal. Item 193:       2651780.000000
FT Cal. Item 194:       2651780.000000
FT Cal. Item 195:       10070.000000
FT Cal. Item 196:       0.861165
FT Cal. Item 197:       1.000000
FT Cal. Item 198:       0.500000
FT Cal. Item 199:       4.000000
FT Cal. Item 200:       5.500000
FT Cal. Item 201:       9.000000
FT Cal. Item 202:       9.000000
FT Cal. Item 203:       0.500000
FT Cal. Item 204:       0.500000
FT Cal. Item 205:       0.000000
FT Cal. Item 206:       -50.000000
FT Cal. Item 207:       -805.447266
FT Cal. Item 208:       829.770996
FT Cal. Item 209:       -213.615067
```

FT Cal. Item 210: 17.020813
FT Cal. Item 211: 89.000000
FT Cal. Item 212: 100.000000
FT Cal. Item 213: -0.000000
FT Cal. Item 214: 1354526208.000000
FT Cal. Item 215: -0.000000
FT Cal. Item 216: 1354526208.000000
FT Cal. Item 217: -0.000000
FT Cal. Item 218: 1334910592.000000
FT Cal. Item 219: 0.000000
FT Cal. Item 220: 1334910592.000000
FT Cal. Item 221: 0.000000
FT Cal. Item 222: 0.000000
FT Cal. Item 223: 0.000000
FT Cal. Item 224: 0.000000
FT Cal. Item 225: -0.000000
FT Cal. Item 226: 1354526208.000000
FT Cal. Item 227: -0.000000
FT Cal. Item 228: 1334910592.000000
FT Cal. Item 229: 0.000000
FT Cal. Item 230: 1354526208.000000
FT Cal. Item 231: 0.000000
FT Cal. Item 232: 1334910592.000000
FT Cal. Item 233: 0.000000
FT Cal. Item 234: 0.000000
FT Cal. Item 235: 0.000000
FT Cal. Item 236: 0.000000
FT Cal. Item 237: 0.000000
FT Cal. Item 238: 0.000000
FT Cal. Item 239: 0.000000
FT Cal. Item 240: 0.000000
FT Cal. Item 241: 42.000000
FT Cal. Item 242: 1.000000
FT Cal. Item 243: 1.000000
FT Cal. Item 244: 0.000000
FT Cal. Item 245: 27.000000
FT Cal. Item 246: 6341516.500000
FT Cal. Item 247: 0.000000
FT Cal. Item 248: 1430.000000
FT Cal. Item 249: 384.000000
FT Cal. Item 250: 1354526208.000000
FT Cal. Item 251: 11.000000
FT Cal. Item 252: 138.066193
FT Cal. Item 253: 586.317932
FT Cal. Item 254: 195.087646
FT Cal. Item 255: 493.243988
FT Cal. Item 256: 393.224487
FT Cal. Item 257: 347.420807
FT Cal. Item 258: 524.264954
FT Cal. Item 259: 300.884979
FT Cal. Item 260: 1121.997070
FT Cal. Item 261: 205.673904
FT Cal. Item 262: 1221.990601
FT Cal. Item 263: 197.079300
FT Cal. Item 264: 1321.984253
FT Cal. Item 265: 189.479279
FT Cal. Item 266: 1421.977905
FT Cal. Item 267: 182.695694
FT Cal. Item 268: 1521.971436
FT Cal. Item 269: 176.592194
FT Cal. Item 270: 1621.965088
FT Cal. Item 271: 171.062149
FT Cal. Item 272: 1721.958740

FT Cal. Item 273: 166.021103
FT Cal. Item 274: 1.000000
FT Cal. Item 275: 1.000000
FT Cal. Item 276: 1.000000
FT Cal. Item 277: 27.000000
FT Cal. Item 278: 4923670.000000
FT Cal. Item 279: 0.000000
FT Cal. Item 280: 2300.000000
FT Cal. Item 281: 384.000000
FT Cal. Item 282: 1334910592.000000
FT Cal. Item 283: 8.000000
FT Cal. Item 284: 265.147888
FT Cal. Item 285: 423.083008
FT Cal. Item 286: 514.284424
FT Cal. Item 287: 303.786133
FT Cal. Item 288: 1279.997192
FT Cal. Item 289: 192.559143
FT Cal. Item 290: 1379.990845
FT Cal. Item 291: 185.451538
FT Cal. Item 292: 1479.984497
FT Cal. Item 293: 179.076981
FT Cal. Item 294: 1579.978027
FT Cal. Item 295: 173.317642
FT Cal. Item 296: 1679.971680
FT Cal. Item 297: 168.080490
FT Cal. Item 298: 1779.965332
FT Cal. Item 299: 163.291061
FT Cal. Item 300: 0.000000
FT Cal. Item 301: 100010.000000
FT Cal. Item 302: -6930.028320
FT Cal. Item 303: 4406.289551
FT Cal. Item 304: -909.487366
FT Cal. Item 305: 62.919659
FT Cal. Item 306: 100011.000000
FT Cal. Item 307: 0.500000
FT Cal. Item 308: 0.500000
FT Cal. Item 309: 100012.000000
FT Cal. Item 310: 0.000000
FT Cal. Item 311: 0.000000
FT Cal. Item 312: 100013.000000
FT Cal. Item 313: 20.000000
FT Cal. Item 314: 20.000000
FT Cal. Item 315: 100014.000000
FT Cal. Item 316: 3.000000
FT Cal. Item 317: 0.500000
FT Cal. Item 318: 3.500000
FT Cal. Item 319: 3.500000
FT Cal. Item 320: 0.000000
FT Cal. Item 321: 0.000000
FT Cal. Item 322: 0.000000
FT Cal. Item 323: 0.000000
FT Cal. Item 324: 0.000000
FT Cal. Item 325: 0.000000
FT Cal. Item 326: 0.000000
FT Cal. Item 327: 0.000000
FT Cal. Item 328: 0.000000
FT Cal. Item 329: 0.000000
FT Cal. Item 330: 0.000000
FT Cal. Item 331: 0.000000
FT Cal. Item 332: 0.000000
FT Cal. Item 333: 0.000000
FT Cal. Item 334: 0.000000
FT Cal. Item 335: 0.000000

FT Cal. Item 336: 0.000000
FT Cal. Item 337: 0.000000
FT Cal. Item 338: 0.000000
FT Cal. Item 339: 0.000000
FT Cal. Item 340: 0.000000
FT Cal. Item 341: 0.000000
FT Cal. Item 342: 0.000000
FT Cal. Item 343: 0.000000
FT Cal. Item 344: 0.000000
FT Cal. Item 345: 0.000000
FT Cal. Item 346: 0.000000
FT Cal. Item 347: 0.000000
FT Cal. Item 348: 0.000000
FT Cal. Item 349: 0.000000
FT Cal. Item 350: 0.000000
FT Cal. Item 351: 0.000000
FT Cal. Item 352: 0.000000
FT Cal. Item 353: 0.000000
FT Cal. Item 354: 0.000000
FT Cal. Item 355: 0.000000
FT Cal. Item 356: 0.000000
FT Cal. Item 357: 0.000000
FT Cal. Item 358: 0.000000
FT Cal. Item 359: 0.000000
FT Cal. Item 360: 0.000000
FT Cal. Item 361: 0.000000
FT Cal. Item 362: 0.000000
FT Cal. Item 363: 0.000000
FT Cal. Item 364: 0.000000
FT Cal. Item 365: 0.000000
FT Cal. Item 366: 0.000000
FT Cal. Item 367: 0.000000
FT Cal. Item 368: 0.000000
FT Cal. Item 369: 0.000000
FT Cal. Item 370: 0.000000
FT Cal. Item 371: 0.000000
FT Cal. Item 372: 0.000000
FT Cal. Item 373: 0.000000
FT Cal. Item 374: 0.000000
FT Cal. Item 375: 0.000000
FT Cal. Item 376: 0.000000
FT Cal. Item 377: 0.000000
FT Cal. Item 378: 0.000000
FT Cal. Item 379: 0.000000
FT Cal. Item 380: 0.000000
FT Cal. Item 381: 0.000000
FT Cal. Item 382: 0.000000
FT Cal. Item 383: 0.000000
FT Cal. Item 384: 0.000000
FT Cal. Item 385: 0.000000
FT Cal. Item 386: 0.000000
FT Cal. Item 387: 0.000000
FT Cal. Item 388: 0.000000
FT Cal. Item 389: 0.000000
FT Cal. Item 390: 0.000000
FT Cal. Item 391: 0.000000
FT Cal. Item 392: 0.000000
FT Cal. Item 393: 0.000000
FT Cal. Item 394: 0.000000
FT Cal. Item 395: 0.000000
FT Cal. Item 396: 0.000000
FT Cal. Item 397: 0.000000
FT Cal. Item 398: 0.000000

FT Cal. Item 399: 0.000000
FT Cal. Item 400: 0.000000
FT Cal. Item 401: 0.000000
FT Cal. Item 402: 0.000000
FT Cal. Item 403: 0.000000
FT Cal. Item 404: 0.000000
FT Cal. Item 405: 0.000000
FT Cal. Item 406: 0.000000
FT Cal. Item 407: 0.000000
FT Cal. Item 408: 0.000000
FT Cal. Item 409: 0.000000
FT Cal. Item 410: 0.000000
FT Cal. Item 411: 0.000000
FT Cal. Item 412: 0.000000
FT Cal. Item 413: 0.000000
FT Cal. Item 414: 0.000000
FT Cal. Item 415: 0.000000
FT Cal. Item 416: 0.000000
FT Cal. Item 417: 0.000000
FT Cal. Item 418: 0.000000
FT Cal. Item 419: 0.000000
FT Cal. Item 420: 0.000000
FT Cal. Item 421: 0.000000
FT Cal. Item 422: 0.000000
FT Cal. Item 423: 0.000000
FT Cal. Item 424: 0.000000
FT Cal. Item 425: 0.000000
FT Cal. Item 426: 0.000000
FT Cal. Item 427: 0.000000
FT Cal. Item 428: 0.000000
FT Cal. Item 429: 0.000000
FT Cal. Item 430: 0.000000
FT Cal. Item 431: 0.000000
FT Cal. Item 432: 0.000000
FT Cal. Item 433: 0.000000
FT Cal. Item 434: 0.000000
FT Cal. Item 435: 0.000000
FT Cal. Item 436: 0.000000
FT Cal. Item 437: 0.000000
FT Cal. Item 438: 0.000000
FT Cal. Item 439: 0.000000
FT Cal. Item 440: 0.000000
FT Cal. Item 441: 0.000000
FT Cal. Item 442: 0.000000
FT Cal. Item 443: 0.000000
FT Cal. Item 444: 0.000000
FT Cal. Item 445: 0.000000
FT Cal. Item 446: 0.000000
FT Cal. Item 447: 0.000000
FT Cal. Item 448: 0.000000
FT Cal. Item 449: 0.000000
FT Cal. Item 450: 0.000000
FT Cal. Item 451: 0.000000
FT Cal. Item 452: 0.000000
FT Cal. Item 453: 0.000000
FT Cal. Item 454: 0.000000
FT Cal. Item 455: 0.000000
FT Cal. Item 456: 0.000000
FT Cal. Item 457: 0.000000
FT Cal. Item 458: 0.000000
FT Cal. Item 459: 0.000000
FT Cal. Item 460: 0.000000
FT Cal. Item 461: 0.000000

```
FT Cal. Item 462:       0.000000
FT Cal. Item 463:       0.000000
FT Cal. Item 464:       0.000000
FT Cal. Item 465:       0.000000
FT Cal. Item 466:       0.000000
FT Cal. Item 467:       0.000000
FT Cal. Item 468:       0.000000
FT Cal. Item 469:       0.000000
FT Cal. Item 470:       0.000000
FT Cal. Item 471:       0.000000
FT Cal. Item 472:       0.000000
FT Cal. Item 473:       0.000000
FT Cal. Item 474:       0.000000
FT Cal. Item 475:       0.000000
FT Cal. Item 476:       0.000000
FT Cal. Item 477:       0.000000
FT Cal. Item 478:       0.000000
FT Cal. Item 479:       0.000000
FT Cal. Item 480:       0.000000
FT Cal. Item 481:       0.000000
FT Cal. Item 482:       0.000000
FT Cal. Item 483:       0.000000
FT Cal. Item 484:       0.000000
FT Cal. Item 485:       0.000000
FT Cal. Item 486:       0.000000
FT Cal. Item 487:       0.000000
FT Cal. Item 488:       0.000000
FT Cal. Item 489:       0.000000
FT Cal. Item 490:       0.000000
FT Cal. Item 491:       0.000000
FT Cal. Item 492:       0.000000
FT Cal. Item 493:       0.000000
FT Cal. Item 494:       0.000000
FT Cal. Item 495:       0.000000
FT Cal. Item 496:       0.000000
FT Cal. Item 497:       0.000000
FT Cal. Item 498:       0.000000
FT Cal. Item 499:       0.000000
FT Cal. Item 500:       0.000000
```

MS-Log-Datei C8

Creator: LTQ VELOS
Last modified: 12/4/2012 by LTQ VELOS

MS Run Time (min): 310.00

Sequence override of method parameters not enabled.

Divert Valve: not used during run

Contact Closure: not used during run

Syringe Pump: not used during run

MS Detector Settings:

Acquisition Start Delay (min): 2.00
Real-time modifications to method enabled

Stepped collision energy not enabled

Additional Microscans:

MS2	0	0
MS3	0	0
MS4	0	0
MS5	0	0
MS6	0	0
MS7	0	0
MS8	0	0
MS9	0	0
MS10	0	0

Experiment Type: Nth Order Double Play

Tune Method: NSI_051112

Scan Event Details:
 1: FTMS + p norm o(400.0-1850.0)
       CV = 0.0V
 2: ITMS + c norm Dep Wideband MS/MS Most intense ion from parent list in (1)
       Activation Type: CID
       Min. Signal Required: 1000.0
       Isolation Width: 2.00
       Normalized Coll. Energy: 35.0
       Default Charge State: 2
       Activation Q: 0.250
       Activation Time: 10.000
       CV = 0.0V
Scan Event 2 repeated for top 20 peaks.

Lock Masses:
   Pos List Name: lock
          Source: API Source
       Mass List: 445.120024
   Neg List Name: N/A
          Source: API Source
       Mass List: (none)

Data Dependent Settings:
       Use separate polarity settings disabled
       Neutral Loss Mass List: (none)
       Product Mass List: (none)

Neutral loss in top: 3
Product in top: 3
Most intense if no parent masses found not enabled
Add/subtract mass not enabled
FT master scan preview mode enabled
Charge state screening enabled
Charge state dependent ETD time not enabled
Monoisotopic precursor selection enabled
Charge state rejection enabled
Unassigned charge states : rejected
Charge state 1 : rejected
Charge state 2 : not rejected
Charge state 3 : not rejected
Charge states 4+ : not rejected
Chromatography mode is disabled

Global Data Dependent Settings:
Predict ion injection time enabled
Use global parent and reject mass lists enabled
Exclude parent mass from data dependent selection not enabled
Exclusion mass width relative to mass
Exclusion mass width relative to low (ppm): 5.000
Exclusion mass width relative to high (ppm): 5.000
Parent mass width relative to mass
Parent mass width relative to low (ppm): 10.000
Parent mass width relative to high (ppm): 10.000
Reject mass width relative to mass
Reject mass width relative to low (ppm): 10.000
Reject mass width relative to high (ppm): 10.000
Zoom/UltraZoom scan mass width by mass
Zoom/UltraZoom scan mass width low: 5.00
Zoom/UltraZoom scan mass width high: 5.00
FT SIM scan mass width low: 5.00
FT SIM scan mass width high: 5.00
Neutral Loss candidates processed by decreasing intensity
Neutral Loss mass width by mass
Neutral Loss mass width low: 0.50000
Neutral Loss mass width high: 0.50000
Product candidates processed by decreasing intensity
Product mass width by mass
Product mass width low: 0.50000
Product mass width high: 0.50000
MS mass range: 0.00-1000000.00
MSn mass range by mass
MSn mass range: 0.00-1000000.00
Use m/z values as masses enabled
Analog UV data dep. not enabled
Dynamic exclusion not enabled
Isotopic data dependence not enabled

Global Parent Masses:

Mass	Start (min)	End (min)	Mass	Start (min)	End (min)
729.87600	5.000	300.000	731.43600	5.000	300.000
732.92500	5.000	300.000	733.38300	5.000	300.000
742.43300	5.000	300.000	765.37100	5.000	300.000
802.37700	5.000	300.000	810.97600	5.000	300.000

831.95000	5.000	300.000	872.47200	5.000
300.000				
880.42800	5.000	300.000	884.99400	5.000
300.000				
920.04400	5.000	300.000	931.04200	5.000
300.000				
936.50800	5.000	300.000	946.00700	5.000
300.000				
950.52200	5.000	300.000	980.00300	5.000
300.000				
991.02100	5.000	300.000	995.08900	5.000
300.000				
1000.09300	5.000	300.000	1002.03900	5.000
300.000				
1009.09300	5.000	300.000	1017.99100	5.000
300.000				
1135.03300	5.000	300.000	1142.55200	5.000
300.000				
1142.55400	5.000	300.000	1142.55500	5.000
300.000				
1173.51800	5.000	300.000	1176.56100	5.000
300.000				
1187.47700	5.000	300.000	1187.47800	5.000
300.000				
1219.49600	5.000	300.000	1219.49700	5.000
300.000				
1260.59900	5.000	300.000	1265.59400	5.000
300.000				
1265.59500	5.000	300.000	1265.59600	5.000
300.000				
1270.65100	5.000	300.000	1273.67500	5.000
300.000				
1280.62600	5.000	300.000	1310.57500	5.000
300.000				
1310.57700	5.000	300.000	1318.70300	5.000
300.000				
1318.70400	5.000	300.000	1318.70500	5.000
300.000				
1318.70600	5.000	300.000	1318.70700	5.000
300.000				
1318.70800	5.000	300.000	1318.71000	5.000
300.000				
1332.62500	5.000	300.000	1338.64000	5.000
300.000				
1338.64100	5.000	300.000	1338.64200	5.000
300.000				
1338.64300	5.000	300.000	1343.58000	5.000
300.000				
1362.58400	5.000	300.000	1362.58500	5.000
300.000				
1362.58600	5.000	300.000	1362.58700	5.000
300.000				
1362.58800	5.000	300.000	1362.59400	5.000
300.000				
1378.62800	5.000	300.000	1378.63000	5.000
300.000				
1427.61800	5.000	300.000	1459.64500	5.000
300.000				
1461.66600	5.000	300.000	1461.67000	5.000
300.000				
1461.67100	5.000	300.000	1490.68200	5.000
300.000				
1490.68300	5.000	300.000	1490.68400	5.000

300.000	1493.64000	5.000	300.000	1493.64400	5.000
300.000	1542.68700	5.000	300.000	1548.70000	5.000
300.000	1548.70200	5.000	300.000	1548.70400	5.000
300.000	1572.75000	5.000	300.000	1578.67800	5.000
300.000	1578.68100	5.000	300.000	1578.68200	5.000
300.000	1578.68300	5.000	300.000	1578.68500	5.000
300.000	1578.68600	5.000	300.000	1578.68700	5.000
300.000	1578.68800	5.000	300.000	1584.77200	5.000
300.000	1584.77300	5.000	300.000	1584.77600	5.000
300.000	1584.77700	5.000	300.000	1593.74600	5.000
300.000	1593.75000	5.000	300.000	1593.75100	5.000
300.000	1593.75200	5.000	300.000	1593.75300	5.000
300.000	1593.75400	5.000	300.000	1593.75500	5.000
300.000	1593.75600	5.000	300.000	1593.75700	5.000
300.000	1593.75800	5.000	300.000	1593.75900	5.000
300.000	1598.75400	5.000	300.000	1598.75500	5.000
300.000	1608.70800	5.000	300.000	1651.74500	5.000
300.000	1654.73500	5.000	300.000	1654.73900	5.000
300.000	1654.74100	5.000	300.000	1654.74200	5.000
300.000	1654.74300	5.000	300.000	1654.74400	5.000
300.000	1658.65300	5.000	300.000	1658.65400	5.000
300.000	1658.65700	5.000	300.000	1658.66000	5.000
300.000	1669.80100	5.000	300.000	1680.85700	5.000
300.000	1704.79600	5.000	300.000	1704.80100	5.000
300.000	1704.80200	5.000	300.000	1704.80300	5.000
300.000	1708.86000	5.000	300.000	1708.86100	5.000
300.000	1708.86200	5.000	300.000	1708.86300	5.000
300.000	1708.86400	5.000	300.000	1708.86500	5.000
300.000	1708.86600	5.000	300.000	1708.86800	5.000
300.000	1708.87100	5.000	300.000	1726.69500	5.000
300.000	1726.70100	5.000	300.000	1726.70300	5.000
300.000					

1726.70400	5.000	300.000	1726.70500	5.000
300.000				
1726.70600	5.000	300.000	1757.80300	5.000
300.000				
1757.80400	5.000	300.000	1768.77000	5.000
300.000				
1768.77200	5.000	300.000	1782.84800	5.000
300.000				
1782.85200	5.000	300.000	1784.76900	5.000
300.000				
1788.72700	5.000	300.000	1788.72900	5.000
300.000				
1788.73000	5.000	300.000	1788.73200	5.000
300.000				
1788.73300	5.000	300.000	1807.86500	5.000
300.000				
1807.86800	5.000	300.000	1807.86900	5.000
300.000				
1820.87700	5.000	300.000	1820.87800	5.000
300.000				
1820.87900	5.000	300.000	1820.88100	5.000
300.000				
1838.75200	5.000	300.000	1838.75400	5.000
300.000				
1838.75700	5.000	300.000	1838.75800	5.000
300.000				
1838.75900	5.000	300.000	1838.76100	5.000
300.000				
1858.89300	5.000	300.000	1878.84300	5.000
300.000				
1912.89400	5.000	300.000	1923.85500	5.000
300.000				
1923.86000	5.000	300.000	1923.88600	5.000
300.000				
1923.88900	5.000	300.000	1923.89000	5.000
300.000				
1923.89100	5.000	300.000	1923.89200	5.000
300.000				
1923.89300	5.000	300.000	1927.87400	5.000
300.000				
1927.87500	5.000	300.000	1927.87600	5.000
300.000				
1927.87700	5.000	300.000	1927.87900	5.000
300.000				
1929.84100	5.000	300.000	1929.84900	5.000
300.000				
1933.88100	5.000	300.000	2002.88700	5.000
300.000				
2005.90600	5.000	300.000	2005.90700	5.000
300.000				
2005.90800	5.000	300.000	2005.90900	5.000
300.000				
2005.91000	5.000	300.000	2031.85600	5.000
300.000				
2031.85900	5.000	300.000	2031.86000	5.000
300.000				
2031.86100	5.000	300.000	2031.86200	5.000
300.000				
2031.86300	5.000	300.000	2031.86400	5.000
300.000				
2031.86700	5.000	300.000	2032.95200	5.000
300.000				
2035.04100	5.000	300.000	2062.00000	5.000

300.000	2062.00300	5.000	300.000	2062.00400	5.000
300.000	2062.00600	5.000	300.000	2062.01100	5.000
300.000	2067.93000	5.000	300.000	2091.90200	5.000
300.000	2091.90300	5.000	300.000	2091.90500	5.000
300.000	2091.90600	5.000	300.000	2091.90700	5.000
300.000	2091.90800	5.000	300.000	2091.90900	5.000
300.000	2091.91000	5.000	300.000	2091.91100	5.000
300.000	2091.91200	5.000	300.000	2091.91300	5.000
300.000	2091.91400	5.000	300.000	2091.91500	5.000
300.000	2091.92000	5.000	300.000	2111.82600	5.000
300.000	2111.82700	5.000	300.000	2121.98900	5.000
300.000	2121.99000	5.000	300.000	2121.99200	5.000
300.000	2121.99300	5.000	300.000	2121.99400	5.000
300.000	2121.99600	5.000	300.000	2121.99700	5.000
300.000	2121.99800	5.000	300.000	2171.14600	5.000
300.000	2171.14700	5.000	300.000	2171.14800	5.000
300.000	2171.15000	5.000	300.000	2171.15200	5.000
300.000	2171.15500	5.000	300.000	2171.15600	5.000
300.000	2171.15700	5.000	300.000	2171.15800	5.000
300.000	2171.15900	5.000	300.000	2171.16000	5.000
300.000	2196.09000	5.000	300.000	2209.99500	5.000
300.000	2210.00500	5.000	300.000	2212.06800	5.000
300.000	2212.07000	5.000	300.000	2212.07200	5.000
300.000	2212.07400	5.000	300.000	2212.07600	5.000
300.000	2212.07700	5.000	300.000	2212.07800	5.000
300.000	2233.01800	5.000	300.000	2233.01900	5.000
300.000	2233.02000	5.000	300.000	2308.00400	5.000
300.000	2308.00600	5.000	300.000	2318.08000	5.000
300.000	2337.11500	5.000	300.000	2350.07300	5.000
300.000	2350.07400	5.000	300.000	2350.07500	5.000
300.000	2350.07600	5.000	300.000	2350.07700	5.000
300.000					

2350.07800	5.000	300.000	2350.07900	5.000
300.000				
2350.08100	5.000	300.000	2350.08200	5.000
300.000				
2374.08900	5.000	300.000	2374.09100	5.000
300.000				
2374.09400	5.000	300.000	2374.09600	5.000
300.000				
2374.10200	5.000	300.000	2376.11200	5.000
300.000				
2376.11300	5.000	300.000	2376.11400	5.000
300.000				
2376.11600	5.000	300.000	2376.12400	5.000
300.000				
2378.96300	5.000	300.000	2378.97100	5.000
300.000				
2378.97300	5.000	300.000	2378.97500	5.000
300.000				
2381.11200	5.000	300.000	2381.11300	5.000
300.000				
2381.11400	5.000	300.000	2381.11500	5.000
300.000				
2381.11600	5.000	300.000	2381.11700	5.000
300.000				
2381.11800	5.000	300.000	2381.11900	5.000
300.000				
2381.12000	5.000	300.000	2381.12100	5.000
300.000				
2381.12200	5.000	300.000	2389.11800	5.000
300.000				
2389.12300	5.000	300.000	2390.04000	5.000
300.000				
2390.10100	5.000	300.000	2398.03700	5.000
300.000				
2398.04600	5.000	300.000	2398.04700	5.000
300.000				
2398.05900	5.000	300.000	2407.22000	5.000
300.000				
2407.22100	5.000	300.000	2407.22200	5.000
300.000				
2407.22300	5.000	300.000	2407.22500	5.000
300.000				
2407.22700	5.000	300.000	2413.02800	5.000
300.000				
2427.08900	5.000	300.000	2427.09100	5.000
300.000				
2427.09200	5.000	300.000	2427.09300	5.000
300.000				
2427.09500	5.000	300.000	2427.09600	5.000
300.000				
2427.09700	5.000	300.000	2427.09800	5.000
300.000				
2427.10100	5.000	300.000	2427.10600	5.000
300.000				
2461.07600	5.000	300.000	2461.08000	5.000
300.000				
2461.08100	5.000	300.000	2461.08200	5.000
300.000				
2461.08300	5.000	300.000	2461.08600	5.000
300.000				
2461.08800	5.000	300.000	2462.14400	5.000
300.000				
2462.15000	5.000	300.000	2462.15200	5.000

300.000	2467.04100	5.000	300.000	2467.05400	5.000
300.000	2497.13700	5.000	300.000	2497.14200	5.000
300.000	2497.14400	5.000	300.000	2497.14600	5.000
300.000	2497.14700	5.000	300.000	2497.14800	5.000
300.000	2497.14900	5.000	300.000	2497.15000	5.000
300.000	2497.15100	5.000	300.000	2497.15200	5.000
300.000	2497.15300	5.000	300.000	2497.15400	5.000
300.000	2497.15600	5.000	300.000	2497.15700	5.000
300.000	2497.16800	5.000	300.000	2519.20300	5.000
300.000	2519.20600	5.000	300.000	2519.20700	5.000
300.000	2519.20800	5.000	300.000	2519.21000	5.000
300.000	2519.21100	5.000	300.000	2519.21200	5.000
300.000	2519.21300	5.000	300.000	2519.21400	5.000
300.000	2519.21500	5.000	300.000	2519.21600	5.000
300.000	2519.21700	5.000	300.000	2519.21800	5.000
300.000	2519.22000	5.000	300.000	2519.22100	5.000
300.000	2519.22600	5.000	300.000	2537.21000	5.000
300.000	2537.21200	5.000	300.000	2537.21300	5.000
300.000	2537.21600	5.000	300.000	2540.13800	5.000
300.000	2540.14400	5.000	300.000	2562.16800	5.000
300.000	2565.11700	5.000	300.000	2565.12400	5.000
300.000	2577.10800	5.000	300.000	2577.10900	5.000
300.000	2577.11200	5.000	300.000	2577.11300	5.000
300.000	2577.11500	5.000	300.000	2577.11600	5.000
300.000	2577.11700	5.000	300.000	2577.11800	5.000
300.000	2577.11900	5.000	300.000	2577.12000	5.000
300.000	2577.12100	5.000	300.000	2577.12200	5.000
300.000	2601.05900	5.000	300.000	2601.06100	5.000
300.000	2601.06300	5.000	300.000	2601.06500	5.000
300.000	2601.06800	5.000	300.000	2601.07000	5.000
300.000	2601.07500	5.000	300.000	2615.03600	5.000
300.000					

2615.03800	5.000	300.000	2615.04500	5.000
300.000				
2627.06300	5.000	300.000	2627.06400	5.000
300.000				
2627.06500	5.000	300.000	2627.06600	5.000
300.000				
2627.07000	5.000	300.000	2627.07100	5.000
300.000				
2627.07300	5.000	300.000	2627.07400	5.000
300.000				
2627.07500	5.000	300.000	2627.08000	5.000
300.000				
2640.25400	5.000	300.000	2640.26300	5.000
300.000				
2640.26400	5.000	300.000	2640.27100	5.000
300.000				
2640.27300	5.000	300.000	2647.39100	5.000
300.000				
2648.51200	5.000	300.000	2648.51500	5.000
300.000				
2648.51600	5.000	300.000	2648.51900	5.000
300.000				
2648.52300	5.000	300.000	2683.14300	5.000
300.000				
2683.14600	5.000	300.000	2683.14800	5.000
300.000				
2695.28800	5.000	300.000	2695.29100	5.000
300.000				
2695.29200	5.000	300.000	2695.29400	5.000
300.000				
2695.29500	5.000	300.000	2695.29900	5.000
300.000				
2695.30000	5.000	300.000	2739.42700	5.000
300.000				
2773.20200	5.000	300.000	2773.20400	5.000
300.000				
2773.20500	5.000	300.000	2773.20600	5.000
300.000				
2773.20700	5.000	300.000	2773.20800	5.000
300.000				
2773.20900	5.000	300.000	2773.21000	5.000
300.000				
2773.21100	5.000	300.000	2773.21200	5.000
300.000				
2773.21400	5.000	300.000	2773.21500	5.000
300.000				
2773.21600	5.000	300.000	2773.21700	5.000
300.000				
2773.21900	5.000	300.000	2800.31600	5.000
300.000				
2870.24000	5.000	300.000	2893.45900	5.000
300.000				
2932.44600	5.000	300.000	2932.45800	5.000
300.000				
2990.12100	5.000	300.000	2990.12500	5.000
300.000				
2990.12600	5.000	300.000	2990.12700	5.000
300.000				
2990.12800	5.000	300.000	2990.12900	5.000
300.000				
2990.13000	5.000	300.000	2990.13100	5.000
300.000				
2990.13200	5.000	300.000	2990.13300	5.000

300.000					
	2990.13400	5.000	300.000	2990.13500	5.000
300.000					
	2990.13600	5.000	300.000	2990.13700	5.000
300.000					
	2990.13800	5.000	300.000	2990.13900	5.000
300.000					
	2990.14000	5.000	300.000	2990.14100	5.000
300.000					
	2990.14300	5.000	300.000	2990.14400	5.000
300.000					
	2990.14800	5.000	300.000	2996.42100	5.000
300.000					
	3043.36100	5.000	300.000	3048.44200	5.000
300.000					
	3048.44600	5.000	300.000	3048.44900	5.000
300.000					
	3048.45500	5.000	300.000	3048.46400	5.000
300.000					
	3070.09500	5.000	300.000	3076.38700	5.000
300.000					
	3076.39300	5.000	300.000	3076.39600	5.000
300.000					
	3080.33500	5.000	300.000	3080.33700	5.000
300.000					
	3103.42300	5.000	300.000	3103.44700	5.000
300.000					
	3151.45700	5.000	300.000	3151.46200	5.000
300.000					
	3151.46800	5.000	300.000	3151.46900	5.000
300.000					
	3151.47200	5.000	300.000	3165.52500	5.000
300.000					
	3165.52700	5.000	300.000	3165.52800	5.000
300.000					
	3165.53000	5.000	300.000	3165.53100	5.000
300.000					
	3165.53200	5.000	300.000	3165.53600	5.000
300.000					
	3165.53800	5.000	300.000	3188.31800	5.000
300.000					
	3188.31900	5.000	300.000	3188.32200	5.000
300.000					
	3188.32400	5.000	300.000	3188.32500	5.000
300.000					
	3188.32700	5.000	300.000		

Global Reject Masses:
(none)

Custom Data Dependent Settings:
Not enabled

Thermo EASY nLC

Sample pickup:
Volume [µl] : 6.00
Flow [µl / min] : 20.00

Sample loading:
Volume [µl] : 20.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Gradient:

Time [mm:ss]	Duration [mm:ss]	Flow [nl/min]	Mixture [%B]
00:00	00:00	300	5
300:00	300:00	300	40
310:00	10:00	300	80
320:00	10:00	300	80

Pre-column equilibration:
Volume [µl] : 12.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Analytical column equilibration:
Volume [µl] : 3.00
Flow [µl / min] : (unspecified)
Max. pressure [Bar] : 250.00

Auto-sampler wash:

Order	Source	Volume [µl]	Cycles
1	Bottle 1	28.00	1