

Table - Supplemental Materials - LR for 1728 ESTs from rice Pokkali distinguishing RNA from control and unstressed roots of rice Pokkali or rice IR29

Clone ID	Clone	Annotation	Pok 15 min	Pok 1 hr	Pok 3 hr	Pok 6 hr	Pok 24 hr	Pok 7 days	IR29 1 hr	IR29 3 hr	IR29 6 hr
1	OC103A01	60S acidic ribosomal protein PO	0.08	0.17	-0.05	-0.08	0.02	-0.15	-0.08	-0.22	-0.04
2	OC103A03	tryptophan synthase (EC 4.2.1.20) beta-1 chain	0.02	0.08	0.02	0.06	0.19	0.15	0.12	0.14	0.08
3	OC103A05	60S ribosomal protein L39	0.04	0.02	-0.04	0.03	0.05	-0.06	-0.05	-0.01	0.05
4	OC103A07	similar to RNA helicase	-0.07	-0.07	-0.08	-0.04	0.07	0.07	-0.02	-0.17	-0.15
5	OC103A09	40S ribosomal protein S4	0.13	0.16	0.01	0.01	0.01	-0.13	-0.03	-0.07	0.03
6	OC103A11	similar to ATP dependent copper transporter [Arabidopsis]	-0.01	-0.06	-0.01	-0.05	0.00	-0.10	-0.02	-0.28	-0.24
7	OC103C01	60S ribosomal protein L2	0.10	0.20	0.02	0.10	0.06	-0.04	0.01	0.10	0.09
8	OC103C03	splicing factor Prp8 [Homo sapiens]	0.04	0.03	-0.08	0.05	0.08	0.00	-0.04	-0.08	-0.05
9	OC103C05	40S ribosomal protein S30	0.03	0.03	-0.02	0.06	0.01	-0.03	0.05	0.15	0.08
10	OC103C07	unknown protein [rice](AP002484)	-0.02	-0.07	-0.07	-0.06	0.01	0.01	0.01	-0.31	-0.23
11	OC103C09	putative protein [Arabidopsis](AL138646)	0.00	0.02	-0.03	0.07	0.01	0.02	0.01	0.05	0.06
12	OC103C11	40S ribosomal protein S4	0.16	0.26	0.03	0.08	0.00	-0.09	-0.01	0.14	0.16
13	OC103E01	not annotated	0.03	0.10	-0.04	0.06	-0.12	-0.08	-0.04	0.02	0.13
14	OC103E03	template activating factor-I alpha [Homo sapiens]	-0.09	0.06	-0.10	0.06	0.02	-0.03	-0.06	-0.20	-0.10
15	OC103E05	not annotated	-0.10	-0.12	-0.14	-0.09	0.03	-0.05	-0.07	-0.41	-0.37
16	OC103E07	putative serine/threonine protein kinase [Arabidopsis]	0.00	-0.08	-0.05	-0.04	-0.06	-0.11	-0.07	-0.38	-0.28
17	OC103E09	60S ribosomal protein L11 or 16	0.08	0.18	-0.07	0.05	-0.03	-0.12	-0.04	0.04	0.13
18	OC103E11	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase precursor - garden petunia (EC 2.5.1.19)	0.03	0.14	0.06	0.08	0.16	0.09	0.11	0.25	0.18
19	OC103G01	10 kDa chaperonin [Arabidopsis]	0.02	0.08	-0.09	0.06	-0.07	-0.07	0.00	0.06	0.19
20	OC103G03	60S ribosomal protein L19	0.11	0.17	0.03	0.11	-0.01	-0.10	-0.01	0.11	0.10
21	OC103G05	brittle-1 protein [Zea mays]	0.02	-0.05	-0.02	0.01	0.01	-0.06	-0.01	-0.08	-0.11
22	OC103G07	ring-box protein 1 [Homo sapiens]	0.00	0.03	0.01	0.08	0.08	0.03	0.03	0.12	0.02
23	OC103G09	similar to ADP-ribosylation factor 6	-0.05	-0.04	0.01	0.08	0.09	0.10	0.06	0.12	0.04
24	OC103G11	early development regulator 2 [Homo sapiens]	0.00	0.10	0.02	0.07	0.02	-0.01	0.03	0.08	-0.01
25	OC102A01	unknown (ORFRU14-L [Macaca mulatta rhadinovirus 26-95])	0.03	0.05	0.04	0.06	-0.14	-0.11	0.00	0.03	0.09
26	OC102A03	nucleotide sugar epimerase [Vibrio vulnificus]	0.10	0.02	-0.01	-0.06	0.03	-0.16	0.04	-0.21	-0.17
27	OC102A05	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.07	0.22	-0.01	0.03	0.00	-0.09	-0.02	0.03	0.05
28	OC102A07	beta-galactosidase (EC 3.2.1.23) II precursor - tomato	0.07	-0.08	-0.05	0.01	0.06	-0.10	0.00	-0.07	-0.19
29	OC102A09	unknown (gene pacC protein - Aspergillus niger)	-0.04	0.04	-0.11	0.04	0.12	0.00	-0.10	0.03	-0.10
30	OC102A11	40S ribosomal protein S8	0.08	0.20	-0.07	0.10	-0.03	-0.10	-0.05	0.06	0.08
31	OC102C01	reversibly glycosylated polypeptide-2 [Arabidopsis]	0.03	-0.05	0.04	-0.05	0.00	-0.09	-0.03	-0.32	-0.16
32	OC102C03	hypothetical protein [Arabidopsis]F6G3.40	0.02	0.05	0.00	0.14	-0.10	-0.07	0.05	0.09	0.08
33	OC102C05	hydroxyproline-rich glycoprotein 1 - garden pea, 60S ribosomal protein L14 - rat	-0.01	0.02	-0.04	0.03	0.00	-0.06	-0.01	-0.12	-0.02
34	OC102C07	unknown (triose-phosphate isomerase (EC 5.3.1.1) precursor, chloroplast)	0.07	0.05	0.01	0.10	0.07	-0.04	0.05	0.06	0.00
35	OC102C09	hypothetical protein [Arabidopsis](AC012562)	0.08	0.04	0.09	0.11	0.08	0.03	0.02	0.20	0.06
36	OC102C11	60S ribosomal protein L18	0.12	0.19	0.05	0.09	0.00	-0.12	0.00	0.13	0.15
37	OC102E01	60S ribosomal protein L6B (L17B) (rp18) (YL16)	0.09	0.22	0.05	0.08	0.08	-0.08	0.00	0.11	0.18
38	OC102E03	ascorbate peroxidase, cytosolic (D45423 full length)	0.01	-0.02	0.10	0.14	0.31	0.16	0.07	0.10	0.03
39	OC102E05	N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase	0.00	0.08	Flag	Flag	-0.02	-0.11	Flag	Flag	Flag
40	OC102E07	root-specific protein RCc3 - rice	0.07	-0.07	0.05	0.11	-0.03	-0.06	-0.10	-0.06	-0.02
41	OC102E09	hypothetical protein [Arabidopsis](AC006837)	0.00	-0.03	-0.02	0.02	0.06	0.03	0.01	-0.04	-0.08
42	OC102E11	60S ribosomal protein L18	0.06	0.16	0.01	0.06	0.04	-0.10	-0.03	0.05	0.08
43	OC102G01	not annotated	-0.05	0.04	-0.07	0.08	0.05	0.05	0.02	0.07	0.03
44	OC102G03	not annotated	0.02	0.06	0.02	0.08	0.01	-0.02	0.05	0.10	0.06

45	OC102G05	60S ribosomal protein L13	0.06	0.19	0.02	0.07	0.06	0.00	0.04	0.04	0.02
46	OC102G07	similar to hydrogenase expression/formation protein (hypE)	0.03	0.00	0.03	0.05	0.09	0.00	0.04	0.11	0.05
47	OC102G09	lipoxygenase [<i>Oryza sativa</i>]	0.05	0.14	0.11	0.03	-0.03	-0.18	0.05	0.06	0.03
48	OC102G11	60S ribosomal protein L2 or L8	0.08	0.23	0.05	0.08	0.06	-0.05	0.02	0.12	0.10
49	OD102A01	simila to protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alpha 2	0.07	0.05	0.06	0.03	-0.03	-0.07	-0.02	0.11	0.09
50	OD102A03	DnaJ protein	-0.04	0.06	-0.04	0.07	0.01	0.06	-0.02	0.05	-0.05
51	OD102A05	hypothetical protein able to induce HR-like lesions [<i>Nicotiana tabacum</i>]	0.03	0.04	-0.02	-0.16	-0.02	-0.08	0.00	-0.12	-0.10
52	OD102A07	hypothetical protein K09C6.4 (<i>Caenorhabditis elegans</i>)	-0.07	-0.12	-0.07	-0.11	0.00	-0.03	-0.07	-0.49	-0.37
53	OD102A09	glutaredoxin like protein	-0.01	-0.01	-0.03	0.03	0.11	0.05	0.02	0.03	-0.05
54	OD102A11	60S ribosomal protein L23 or L17	0.11	0.10	-0.07	0.06	0.06	-0.11	-0.01	0.08	0.15
55	OD102C01	unknown (NADH dehydrogenase (ubiquinone) (EC 1.6.5.3) chain 5)	0.00	-0.01	-0.05	-0.03	0.02	-0.12	-0.01	-0.25	-0.22
56	OD102C03	60S ribosomal protein L38	0.05	0.00	-0.03	0.03	-0.02	-0.08	0.02	-0.07	-0.01
57	OD102C05	dnaK-type molecular chaperone hsc-2 - tomato	-0.18	-0.13	-0.16	-0.15	-0.05	0.15	0.07	0.17	-0.12
58	OD102C07	hypothetical protein [<i>Homo sapiens</i>] (AL096858)	0.00	-0.01	-0.01	0.00	Flag	0.05	0.05	0.06	0.04
59	OD102C09	60S ribosomal protein L18	-0.03	0.06	0.05	0.08	0.06	0.03	0.05	0.13	0.08
60	OD102C11	hypothetical protein jhp0401 - <i>Helicobacter pylori</i> (strain J99)	0.08	0.10	0.06	0.02	-0.07	-0.01	0.05	0.03	-0.07
61	OD102E01	60S ribosomal protein L27a	0.04	0.10	0.02	0.02	0.00	0.00	0.05	0.11	0.12
62	OD102E03	unknown (Dreg-2 like protein [<i>Arabidopsis</i>])	-0.02	0.01	0.04	0.06	0.03	0.00	0.02	0.04	0.05
63	OD102E05	not annotated	0.07	0.03	-0.03	0.05	0.01	-0.06	0.01	-0.03	-0.01
64	OD102E07	putatative 28 kDa protein [<i>Homo sapiens</i>]	0.01	0.00	-0.03	0.05	0.07	0.08	0.01	-0.04	-0.04
65	OD102E09	no hit rice EST	-0.01	-0.03	-0.01	-0.03	0.04	-0.01	0.00	-0.19	-0.19
66	OD102E11	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>]dl13180w	0.00	-0.08	-0.11	0.00	0.06	0.03	0.03	-0.02	-0.10
67	OD102G01	not annotated	-0.01	0.00	-0.06	0.02	0.06	-0.03	-0.02	-0.14	-0.11
68	OD102G03	60S ribosomal protein L36	0.05	0.00	-0.04	0.02	-0.07	-0.08	-0.02	0.00	0.02
69	OD102G05	histone H2A	0.03	0.04	0.03	0.08	0.03	0.08	0.10	0.12	0.05
70	OD102G07	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>]T18B16.60	-0.02	-0.08	-0.01	0.00	0.05	0.00	0.04	-0.05	-0.08
71	OD102G09	aconitate hydratase-cytoplasmic	0.00	0.00	0.02	0.06	0.12	-0.02	0.00	0.02	0.04
72	OD102G11	H ⁺ -transporting ATPase (EC 3.6.1.35)	-0.03	-0.06	0.04	0.08	0.13	0.09	0.08	0.22	0.09
73	OD103A01	not annotated	0.04	0.08	0.05	0.09	0.03	-0.02	0.06	0.15	0.06
74	OD103A03	not annotated	-0.09	-0.14	-0.01	-0.05	-0.10	-0.05	-0.01	-0.28	-0.17
75	OD103A05	Rab7 GTP binding protein	-0.06	-0.08	-0.08	0.00	0.08	0.01	0.00	-0.11	0.00
76	OD103A07	no hit rice EST	-0.02	0.03	-0.14	-0.31	-0.14	-0.14	-0.11	-0.20	-0.37
77	OD103A09	not annotated	0.12	0.20	-0.01	0.07	0.02	-0.11	-0.04	0.05	0.03
78	OD103A11	not annotated	-0.04	-0.05	-0.04	0.00	0.04	0.02	-0.02	0.00	-0.15
79	OD103C01	60S ribosomal protein L13A, L16-A	0.00	0.10	0.03	0.06	0.09	0.01	0.07	0.13	0.10
80	OD103C03	not annotated	0.04	0.08	-0.08	-0.01	0.03	-0.06	-0.01	0.01	0.03
81	OD103C05	not annotated	0.06	-0.02	-0.06	0.05	-0.04	0.00	0.02	0.01	-0.06
82	OD103C07	not annotated	-0.07	-0.05	0.00	0.07	0.08	0.12	0.07	0.17	0.02
83	OD103C09	26S proteasome regulatory ATPase subunit 10b (S10b) [<i>Manduca sexta</i>]	0.03	-0.10	-0.02	-0.03	-0.01	-0.03	-0.01	-0.17	-0.14
84	OD103C11	mucin homologue [<i>Homo sapiens</i>]	0.01	0.01	-0.04	0.04	-0.01	0.05	0.02	0.09	0.04
85	OD103E01	not annotated	0.00	-0.11	-0.02	0.01	0.04	0.06	0.04	-0.01	-0.01
86	OD103E03	unknown protein [<i>Arabidopsis</i>] F-box protein FBL6 [<i>Homo sapiens</i>]	0.00	-0.02	0.03	0.04	0.00	0.00	0.02	0.13	0.04
87	OD103E05	protein kinase C inhibitor - maize	0.00	0.05	0.01	-0.05	0.06	-0.02	0.01	-0.11	0.02
88	OD103E07	muscle derived protein [<i>Gallus gallus</i>], transport protein USO1 - yeast, tropomyosin I, thoracic - fruit fly	0.00	-0.01	0.01	0.00	0.05	0.00	0.03	-0.08	-0.14
89	OD103E09	not annotated	-0.04	-0.08	-0.03	-0.08	0.02	-0.05	-0.04	-0.26	-0.18
90	OD103E11	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>]F13M23.20	0.02	-0.05	-0.07	0.00	0.04	-0.02	0.00	-0.26	-0.24
91	OD103G01	not annotated	-0.10	-0.16	-0.05	0.01	0.03	0.15	-0.01	0.06	-0.10
92	OD103G03	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>]T24C20.110	0.00	-0.07	-0.02	-0.08	-0.03	0.00	0.00	-0.10	-0.14
93	OD103G05	putative malate dehydrogenase [<i>Solanum tuberosum</i>]	0.01	-0.04	-0.02	-0.02	0.00	0.01	0.03	-0.04	-0.06

94	OD103G07	SWI/SNF complex 170 KDa subunit [Homo sapiens]	0.01	0.06	-0.01	-0.01	0.04	-0.03	0.03	-0.03	-0.05
95	OD103G09	hypothetical protein [Arabidopsis]T10I14.120	0.04	-0.03	0.00	-0.01	0.02	0.02	0.02	0.02	-0.01
96	OD103G11	protein phosphatase 2C gamma [Homo sapiens]	-0.01	0.01	0.06	0.00	0.00	0.05	0.09	0.13	0.12
97	OCP06A01	not annotated	0.03	0.00	-0.02	-0.02	-0.02	0.01	0.03	0.04	0.06
98	OCP06A03	not annotated	0.05	0.04	-0.01	-0.02	0.03	-0.01	0.01	0.00	-0.07
99	OCP06A05	not annotated	-0.02	-0.08	-0.02	0.05	-0.02	-0.02	0.04	-0.11	-0.03
100	OCP06A07	not annotated	0.09	0.21	-0.05	0.09	0.06	-0.07	-0.03	-0.07	0.06
101	OCP06A09	40S ribosomal protein S3 from EST	0.02	0.05	-0.06	-0.05	-0.08	-0.07	-0.05	-0.26	-0.10
102	OCP06A11	nucleoside diphosphate kinase (NDPK-3)	-0.01	-0.06	0.02	0.05	0.06	0.07	0.03	0.00	-0.07
103	OCP06C01	not annotated	0.05	0.01	-0.04	-0.08	-0.04	-0.05	0.00	0.02	-0.09
104	OCP06C03	not annotated	0.03	0.01	-0.02	0.03	-0.12	-0.02	0.03	0.07	0.00
105	OCP06C05	hypothetical protein [Arabidopsis]T9J22.8	0.02	-0.01	-0.01	-0.06	-0.04	-0.02	-0.01	0.05	-0.03
106	OCP06C07	fatty acid condensing enzyme CUT1 [Arabidopsis]	0.04	0.07	0.01	0.02	0.06	-0.02	0.00	0.09	0.07
107	OCP06C09	not annotated	0.02	0.00	0.04	-0.03	0.02	0.02	0.02	-0.07	-0.09
108	OCP06C11	phenylalanine ammonia-lyase	0.08	-0.12	0.00	-0.11	0.00	0.00	0.03	-0.02	-0.08
109	OCP06E01	not annotated	0.01	-0.06	0.00	-0.07	-0.01	0.05	0.03	-0.02	-0.01
110	OCP06E03	histone H3	0.10	0.07	0.00	-0.04	0.02	-0.03	0.00	0.06	0.08
111	OCP06E05	not annotated	0.03	0.07	-0.02	0.05	0.02	0.01	0.03	-0.03	0.00
112	OCP06E07	40S ribosomal protein S19	0.05	0.14	-0.01	0.06	0.06	-0.04	0.02	0.07	0.09
113	OCP06E09	40S ribosomal protein S21	0.09	0.07	-0.07	0.01	0.03	-0.05	0.02	-0.04	0.00
114	OCP06E11	trypsin inhibitor-(2)	0.09	0.01	-0.09	-0.09	-0.04	-0.05	-0.06	-0.19	-0.15
115	OCP06G01	not annotated	-0.06	-0.03	-0.14	0.07	0.11	0.03	0.00	-0.07	0.01
116	OCP06G03	similar to probable monosaccharide transport protein Mst-1, Norway spruce	0.01	0.03	-0.02	0.07	0.02	0.02	0.03	-0.06	-0.10
117	OCP06G05	cytochrome P450 76C1	-0.10	-0.17	-0.20	-0.17	-0.01	-0.02	0.00	-0.19	-0.29
118	OCP06G07	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.03	Flag	-0.11	-0.24	-0.14	-0.22	-0.02	0.05	0.00
119	OCP06G09	not annotated	0.01	-0.16	-0.06	-0.12	0.03	-0.08	-0.01	0.03	-0.07
120	OCP06G11	putative protein [Arabidopsis](AL132980)	0.07	-0.03	0.04	-0.05	-0.04	-0.15	0.02	0.00	-0.02
121	OE105A01	not annotated	0.04	-0.06	0.05	-0.03	-0.11	-0.06	0.00	-0.05	-0.05
122	OE105A03	hypothetical protein [Pseudomonas syringae pv. syringae]	-0.07	-0.19	-0.07	-0.16	0.03	-0.04	-0.03	-0.32	-0.15
123	OE105A05	60S ribosomal protein L18	0.02	0.10	0.01	-0.01	0.01	-0.11	-0.03	-0.05	0.03
124	OE105A07	glycine-rich RNA-binding protein - OsGRP1 [Oryza sativa] from EST	0.00	-0.03	-0.01	0.05	0.03	-0.05	0.08	0.01	0.09
125	OE105A09	not annotated	-0.06	-0.10	-0.13	-0.10	0.00	-0.06	-0.08	-0.42	-0.37
126	OE105A11	not annotated	-0.11	-0.14	-0.12	-0.11	0.04	-0.03	-0.05	-0.43	-0.42
127	OE105C01	no hit	-0.11	-0.15	-0.05	-0.03	0.07	0.03	-0.05	-0.17	-0.13
128	OE105C03	diminuto (CELL ELONGATION PROTEIN DWARF1)	0.20	0.12	0.01	0.04	-0.11	-0.23	-0.09	-0.14	-0.06
129	OE105C05	not annotated	-0.14	-0.14	-0.14	-0.17	0.07	0.02	-0.10	-0.15	-0.17
130	OE105C07	hypothetical protein K12D9.11 - Caenorhabditis elegans	0.05	0.04	0.01	0.05	-0.03	-0.02	0.03	0.10	0.01
131	OE105C09	not annotated	0.05	-0.01	0.05	0.13	0.20	0.04	0.02	0.13	0.10
132	OE105C11	unknown (aralkylamine N-acetyltransferase (EC 2.3.1.87) - rat)	0.03	0.05	0.02	0.04	-0.01	0.02	0.03	0.08	0.05
133	OE105E01	not annotated	-0.06	-0.15	-0.03	-0.12	0.03	0.01	-0.01	-0.24	-0.21
134	OE105E03	no hit rice EST	0.14	0.03	-0.03	-0.22	-0.33	-0.22	-0.04	-0.02	-0.04
135	OE105E05	unkonwn protein [Drosophila](BcDNA.GH12504)	-0.01	-0.05	0.00	-0.08	0.00	-0.02	0.05	-0.08	-0.05
136	OE105E07	60S ribosomal protein L39	0.07	0.05	-0.01	0.05	-0.06	-0.05	0.04	0.01	0.08
137	OE105E09	hypothetical protein P3 - Mycoplasma hyorhinis	0.00	0.03	-0.01	0.03	0.10	0.05	0.00	0.04	-0.19
138	OE105E11	metallothionein-like protein, novel in rice contigID1605	-0.04	-0.17	0.09	0.09	0.06	-0.05	0.08	-0.10	0.01
139	OE105G01	60S ribosomal protein L23 (L17) [Homo sapiens]	0.15	0.18	-0.09	0.04	-0.04	-0.17	-0.05	0.05	0.11
140	OE105G03	no hit rice EST	0.00	-0.14	-0.09	-0.15	0.00	-0.01	-0.04	-0.20	-0.27
141	OE105G05	not annotated	-0.04	-0.07	-0.10	0.10	0.03	-0.01	0.00	0.11	-0.02
142	OE105G07	no hit rice EST	0.02	-0.11	-0.09	0.01	-0.07	0.08	0.03	0.05	0.05
143	OE105G09	not annotated	Flag	-0.29	-0.19	-0.19	Flag	-0.04	0.05	-0.25	-0.26
144	OE105G11	no hit no EST	-0.03	-0.09	-0.05	0.00	0.03	0.02	0.05	-0.07	-0.11
145	OC104A01	60S ribosomal protein L18A	0.11	0.20	0.01	0.10	0.02	-0.07	0.02	0.15	0.16

146	OC104A03	60S ribosomal protein L44	0.19	0.20	-0.03	0.11	-0.11	-0.12	-0.03	0.11	0.21
147	OC104A05	not annotated	0.09	0.18	0.00	0.04	-0.10	-0.09	0.03	0.12	0.10
148	OC104A07	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.09	0.25	-0.01	0.12	0.03	-0.01	0.04	0.07	0.11
149	OC104A09	not annotated	0.11	0.15	0.05	0.01	0.06	-0.10	-0.04	0.07	0.07
150	OC104A11	60S ribosomal protein L18A	0.11	0.20	-0.01	0.08	0.08	-0.12	-0.02	0.07	0.04
151	OC104C01	short 3' end (?)	0.06	-0.15	-0.04	-0.06	0.09	-0.05	0.00	0.03	-0.13
152	OC104C03	unknown, rice EST	-0.05	-0.09	0.02	0.06	0.10	0.07	0.05	0.03	-0.08
153	OC104C05	60S ribosomal protein L13	0.04	0.13	0.03	0.05	0.07	0.02	0.02	0.13	0.01
154	OC104C07	not annotated	-0.01	-0.12	-0.06	0.02	0.05	0.11	0.01	-0.01	-0.19
155	OC104C09	hypothetical protein [Arabidopsis]F10A5.22	0.03	0.09	0.05	0.06	0.05	0.00	0.06	0.17	0.03
156	OC104C11	S-adenosyl-L-methionine synthetase, pOS-SAMS2 [Oryza sativa]	0.10	0.05	-0.01	-0.19	-0.36	-0.21	-0.06	0.04	-0.04
157	OC104E01	water channel protein (WCP-I, isoform)	-0.24	-0.36	0.04	-0.01	0.13	0.40	0.10	0.22	-0.04
158	OC104E03	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic contig ID536	0.03	0.00	0.05	0.00	0.06	0.03	0.01	0.19	0.06
159	OC104E05	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.10	0.04	-0.04	-0.13	-0.17	-0.26	-0.04	-0.03	0.04
160	OC104E07	histone H3	0.11	0.15	0.09	0.05	0.00	0.01	0.05	0.18	0.13
161	OC104E09	nascent polypeptide-associated complex alpha chain, muscle splice form gp220 - mouse	0.11	0.09	-0.05	0.05	-0.01	-0.05	-0.09	0.06	0.09
162	OC104E11	cyclophilin 2 [Oryza sativa]	-0.07	-0.03	0.05	0.22	0.19	0.13	0.03	0.06	0.08
163	OC104G01	60S ribosome protein L19	0.10	0.16	-0.02	0.10	0.03	-0.12	-0.03	0.03	0.03
164	OC104G03	putative transcription factor ATB2 Arabi	-0.04	-0.28	0.01	0.17	0.08	0.07	-0.12	-0.05	-0.03
165	OC104G05	human tumor protein-like protein	0.03	0.08	-0.10	0.03	-0.12	0.03	0.06	0.06	0.05
166	OC104G07	not annotated	0.01	-0.02	0.08	0.03	-0.03	-0.02	0.06	-0.08	-0.08
167	OC104G09	S-adenosylmethionine decarboxylase 2, identical to SAMDC2 [Oryza sativa]	0.12	0.13	0.35	0.14	0.12	0.11	0.23	0.45	0.16
168	OC104G11	unknown, contig ID902 [Prunus armeniaca] (full length)	-0.13	-0.05	-0.26	-0.06	-0.10	0.03	0.01	0.01	-0.15
169	OC101A01	GroES/HSP10 homolog	0.04	0.07	-0.02	0.08	-0.07	-0.05	0.01	0.04	0.14
170	OC101A03	ubiquinol-cytochrome c reductase (EC 1.10.2.2) 11K protein - potato	-0.02	-0.04	0.02	0.10	0.10	0.06	0.06	0.15	0.07
171	OC101A05	no hit no EST	0.11	0.13	0.05	-0.05	-0.20	-0.12	-0.01	-0.07	-0.09
172	OC101A07	hypothetical protein [Arabidopsis] YUP8H12R.14	-0.05	-0.12	-0.03	0.00	0.07	0.00	0.03	-0.10	-0.06
173	OC101A09	unknown (wound-induced protein - western balsam poplar)	0.00	0.00	0.04	0.09	0.09	0.06	0.05	0.16	0.07
174	OC101A11	syntaxin-related protein, Arabi	0.01	-0.01	-0.01	0.09	0.07	0.04	0.02	-0.01	-0.19
175	OC101C01	40S ribosomal protein S21	0.03	0.11	-0.03	0.05	0.03	-0.04	-0.01	-0.02	-0.03
176	OC101C03	unknown protein [Arabidopsis](AC004077)	0.07	0.03	-0.01	0.04	-0.04	-0.04	0.00	-0.08	-0.14
177	OC101C05	histone H4	0.04	-0.01	-0.10	0.02	0.04	0.00	0.03	-0.06	-0.14
178	OC101C07	(1-4)-beta-mannan endohydrolase precursor	-0.02	-0.11	-0.01	0.04	0.02	0.01	0.02	-0.13	-0.16
179	OC101C09	putative GDSL-motif lipase/acylhydrolase [Arabidopsis]	0.01	-0.05	-0.01	-0.03	0.02	0.01	0.04	-0.17	-0.21
180	OC101C11	not annotated	0.00	-0.03	0.00	0.05	0.03	0.05	0.03	0.09	0.06
181	OC101E01	60S ribosomal protein L38	0.00	0.00	0.01	0.06	0.08	0.06	0.06	0.14	0.05
182	OC101E03	60S ribosomal protein L26	0.07	0.13	0.05	0.12	0.00	-0.04	0.03	0.10	0.14
183	OC101E05	hypothetical protein [Arabidopsis](AC005314)	0.08	0.00	0.00	0.00	-0.01	-0.04	0.03	0.00	0.03
184	OC101E07	not annotated	-0.03	-0.04	-0.02	0.01	0.07	0.05	0.03	0.01	0.04
185	OC101E09	glycine-serine rich protein-(1), contigID1723	0.42	0.24	0.13	-0.17	-0.33	-0.30	-0.15	-0.19	-0.13
186	OC101E11	S-adenosylhomocysteine hydrolase	0.06	0.04	0.14	0.11	0.10	-0.01	0.04	0.23	0.23
187	OC101G01	not annotated	0.02	0.09	0.01	0.00	-0.02	-0.04	-0.02	0.01	-0.10
188	OC101G03	60S ribosomal protein L37	-0.08	Flag	Flag	-0.06	0.00	-0.05	-0.03	-0.19	-0.25
189	OC101G05	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.03	0.10	-0.05	0.08	0.03	-0.02	0.01	0.12	-0.04
190	OC101G07	not annotated	-0.03	-0.05	0.03	0.11	0.07	0.09	0.05	0.03	-0.03
191	OC101G09	unknown, no EST	0.05	-0.08	-0.05	0.00	0.00	0.06	0.02	0.01	-0.07
192	OC101G11	not annotated	0.00	0.05	-0.03	0.06	0.03	0.02	-0.01	0.08	0.03
193	OE06A01	unknown (invasive-associated protein) (X85859)	-0.03	0.06	-0.18	-0.01	-0.05	-0.12	-0.02	-0.02	-0.04
194	OE06A03	superoxide dismutase Cu-Zn	0.05	0.06	0.04	0.13	0.16	0.04	0.03	0.12	0.21
195	OE06A05	no hit, rice EST	0.08	0.05	0.01	0.08	0.05	-0.06	0.00	0.04	0.10
196	OE06A07	ADP, ATP carrier protein from EST	0.10	0.06	0.00	-0.11	-0.06	-0.10	0.00	0.08	0.05

197	OE06A09	unknown (protein-glutamine gamma-glutamyltransferase (EC 2.3.2.13) - rabbit) from EST	-0.24	-0.30	-0.16	0.02	0.41	0.27	0.02	0.23	0.15
198	OE06A11	unknown protein [Arabidopsis](AC011437)	0.06	0.03	0.04	0.05	-0.03	-0.05	-0.02	0.03	0.12
199	OE06C01	40S ribosomal protein SA	0.12	0.07	0.00	0.06	0.04	-0.04	0.01	-0.04	-0.12
200	OE06C03	IAA-Ala hydrolase; IAA-amino acid hydrolase	-0.04	-0.03	0.08	0.17	0.16	0.09	-0.01	0.13	-0.03
201	OE06C05	replication factor C 38K chain - human	-0.12	-0.24	0.00	-0.07	0.09	-0.01	-0.06	-0.19	-0.41
202	OE06C07	unknown protein [Arabidopsis](AC004683)	0.00	-0.06	0.00	0.04	0.05	0.02	0.03	-0.03	-0.06
203	OE06C09	membrane protein	-0.17	-0.38	-0.07	-0.19	0.06	0.03	-0.05	-0.39	-0.34
204	OE06C11	unknown (F53B8.1 [Caenorhabditis elegans])	0.00	-0.09	-0.02	-0.04	0.01	0.01	0.00	-0.07	-0.15
205	OE06E01	putative protein [Arabidopsis](AL035440)	-0.11	-0.19	-0.12	-0.13	0.07	0.14	0.04	-0.01	-0.09
206	OE06E03	no hit no EST	0.02	-0.05	-0.04	-0.15	-0.06	-0.10	0.00	-0.18	-0.13
207	OE06E05	similar to MAIZE CHLOROPLAST 30S RIBOSOMAL PROTEIN S2	0.04	-0.07	0.00	0.07	0.07	0.01	-0.03	0.08	0.09
208	OE06E07	unknown (leptin receptor, variant b [Mus musculus]) from riceEST	-0.05	-0.08	0.00	-0.09	-0.11	0.05	-0.01	-0.10	-0.08
209	OE06E09	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine S-methyltransferase from EST	0.11	0.08	0.01	-0.06	-0.05	-0.11	-0.07	0.06	0.09
210	OE06E11	unknown (similar to ADP-ribosylation factor)	-0.02	-0.11	0.00	-0.02	0.02	0.01	-0.03	0.12	0.06
211	OE06G01	60S ribosomal protein L19	0.03	Flag	Flag	-0.16	-0.01	-0.15	-0.06	Flag	-0.19
212	OE06G03	CYNCA (P40781) Cynara cardunculus	0.06	0.00	-0.01	-0.04	0.01	-0.06	0.02	-0.14	-0.19
213	OE06G05	no hit no EST	-0.06	-0.09	-0.08	-0.01	0.01	0.00	-0.04	-0.02	-0.12
214	OE06G07	40S ribosomal protein S31	0.01	0.00	-0.06	0.01	-0.11	-0.07	-0.01	0.00	0.03
215	OE06G09	putative protein [Arabidopsis](AL049638)	-0.01	0.06	0.10	0.13	0.09	0.08	0.03	0.13	-0.06
216	OE06G11	unknown (C. elegans cDNA cm17a1)	0.08	0.04	0.00	-0.01	-0.12	-0.09	-0.04	0.04	0.03
217	OC04A01	S-adenosylmethionine decarboxylase	0.04	-0.01	-0.06	-0.08	-0.17	-0.09	-0.02	-0.01	-0.03
218	OC04A03	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001111)	0.07	-0.01	Flag	0.04	-0.03	-0.10	0.03	0.04	-0.12
219	OC04A05	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001168)	-0.02	-0.01	-0.05	0.03	0.02	-0.04	0.00	-0.06	0.05
220	OC04A07	unknown protein [Arabidopsis] peroxisomal farnesylated protein[Human]	0.06	-0.01	0.00	0.06	-0.01	0.06	-0.02	0.00	0.06
221	OC04A09	sucrose synthase-1, identical to sus1 [Oryza sativa]	0.00	0.02	-0.15	-0.08	0.03	-0.12	-0.09	-0.04	-0.08
222	OC04A11	transcriptional co-activator CRSP33 [Homo sapiens]	0.04	-0.03	0.05	0.03	0.01	0.01	0.02	0.07	0.09
223	OC04C01	putative purple acid phosphatase [Arabidopsis]	-0.06	-0.15	0.02	0.03	0.09	0.05	-0.08	0.04	-0.02
224	OC04C03	not annotated	0.00	-0.08	0.00	0.01	0.05	-0.04	-0.02	-0.08	Flag
225	OC04C05	putative glycine decarboxylase [Gallus gallus]	0.00	-0.11	0.00	0.01	0.05	0.06	0.01	0.05	Flag
226	OC04C07	Putative protein kinase [Arabidopsis] (AC004260)	-0.02	-0.06	0.03	0.07	0.01	0.01	0.02	-0.08	-0.13
227	OC04C09	not annotated	0.03	-0.04	0.04	0.06	-0.05	-0.04	-0.03	-0.03	-0.05
228	OC04C11	small nuclear ribonucleoprotein polypeptide G [Homo sapiens]	0.03	0.07	-0.03	0.10	0.06	-0.07	-0.04	-0.05	0.08
229	OC04E01	S-adenosylmethionine decarboxylase	0.03	0.02	0.03	-0.01	-0.08	-0.04	-0.02	0.23	0.01
230	OC04E03	unknown (glyceraldehyde phosphate dehydrogenase [Vibrio fischeri])	-0.09	-0.14	0.02	0.06	0.17	0.12	0.03	0.09	-0.05
231	OC04E05	no hit rice EST	0.03	0.12	0.12	-0.03	0.02	-0.12	0.06	0.02	-0.03
232	OC04E07	hypothetical protein [Arabidopsis]F24B9.6	0.03	-0.05	-0.01	0.01	-0.02	0.02	0.02	-0.02	0.03
233	OC04E09	similar to catalase (EC 1.11.1.6) [Campylobacter jejuni]	0.05	0.03	0.00	0.06	0.02	0.01	-0.01	0.02	-0.04
234	OC04E11	not annotated	0.04	0.10	0.00	0.06	0.06	0.02	0.04	0.05	0.05
235	OC04G01	no hit no EST	0.08	0.10	-0.01	-0.07	Flag	-0.11	-0.05	0.03	-0.01
236	OC04G03	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12) cytosolic	-0.12	-0.07	-0.10	-0.02	0.15	0.03	-0.10	-0.10	-0.22
237	OC04G05	Mitochondrial ribosomal protein MRPL10 (YmL10); Mrpl10p Yeast	0.04	0.06	0.00	0.00	-0.01	-0.05	-0.03	-0.10	-0.15
238	OC04G07	no hit rice EST	-0.04	-0.11	-0.05	-0.09	-0.06	-0.07	0.00	-0.19	-0.23
239	OC04G09	tonoplast intrinsic protein, gamma-Tip [Oryza sativa]	-0.07	-0.27	0.06	0.01	0.18	0.18	0.07	0.06	-0.14
240	OC04G11	class III receptor tyrosine kinase FTL4 [Homo sapiens]	-0.03	0.03	-0.02	0.01	-0.06	-0.06	0.03	-0.05	-0.04
241	OC01A01	not annotated	-0.07	-0.21	-0.09	-0.03	0.00	0.03	-0.03	-0.07	-0.06
242	OC01A03	ripening-associated protein	0.07	0.03	0.14	0.12	0.15	0.04	0.15	0.24	0.11

243	OC01A05	not annotated	0.03	-0.08	0.05	-0.03	-0.06	-0.04	0.03	-0.09	-0.14
244	OC01A07	unknown (T25N20.11Arabi)	0.07	0.03	0.08	0.12	0.02	0.00	0.03	0.05	0.01
245	OC01A09	no hit no EST	0.07	0.12	-0.02	-0.04	-0.14	-0.01	0.01	-0.03	0.03
246	OC01A11	40S ribosomal protein S27a-4	0.00	0.11	0.00	0.07	0.08	0.03	0.08	0.00	0.09
247	OC01C01	diacylglycerol kinase	0.05	0.11	Flag	-0.02	Flag	0.03	0.05	0.05	0.03
248	OC01C03	putative serine/threonine protein kinase	-0.14	-0.07	0.14	0.16	0.05	0.22	0.03	-0.16	-0.14
249	OC01C05	unknown (TPR-containing protein)	-0.10	-0.16	-0.14	-0.16	0.04	-0.04	-0.01	-0.46	-0.32
250	OC01C07	fumarase; fumarate hydratase	-0.01	-0.01	0.03	0.13	0.06	0.08	0.02	0.09	0.06
251	OC01C09	mitochondrial phosphate transporter	-0.04	-0.01	0.05	0.11	0.10	0.09	0.02	0.04	0.00
252	OC01C11	subtilisin-chymotrypsin inhibitor 2	0.08	0.18	0.30	0.44	0.11	-0.10	0.22	0.35	0.41
253	OC01E01	thymidine diphospho-glucose 4-6-dehydratase homolog	0.02	-0.09	-0.03	-0.05	-0.16	-0.03	0.01	-0.01	-0.01
254	OC01E03	ubiquinol-cytochrome c reductase	-0.08	-0.05	0.02	-0.01	-0.02	0.03	0.04	0.06	0.05
255	OC01E05	unknown (RNA-binding post-transcriptional regulator csx1)	-0.20	-0.04	0.06	-0.01	-0.03	0.01	0.04	0.05	-0.03
256	OC01E07	glutamate--ammonia ligase Oryza	0.01	-0.17	0.06	-0.03	0.16	0.12	0.00	0.08	-0.01
257	OC01E09	60S ribosomal protein L7A	0.11	0.09	-0.03	0.03	0.04	-0.02	0.00	0.03	0.08
258	OC01E11	unknown protein [Arabidopsis](AC007169)	-0.04	-0.12	-0.04	-0.04	-0.01	0.12	0.02	-0.01	0.01
259	OC01G01	not annotated	0.06	0.04	0.05	-0.02	-0.01	0.01	0.06	0.01	0.06
260	OC01G03	40S ribosomal protein S9	0.14	0.25	0.01	-0.03	0.05	-0.09	-0.04	-0.02	0.11
261	OC01G05	no hit from EST	-0.01	-0.07	-0.03	0.00	0.03	0.01	0.04	-0.24	Flag
262	OC01G07	not annotated	0.08	0.01	-0.08	-0.04	0.05	-0.04	-0.05	-0.16	-0.17
263	OC01G09	60S ribosomal protein L36	0.05	-0.02	-0.01	0.00	0.00	0.03	-0.01	-0.02	-0.08
264	OC01G11	receptor like protein	-0.05	-0.12	-0.03	-0.02	0.02	-0.02	-0.02	-0.17	-0.18
265	OE202A01	unknown (basic protein, cytosolic - fruit fly)	-0.02	-0.11	-0.04	-0.05	0.01	-0.09	-0.04	-0.09	-0.04
266	OE202A03	no hit rice EST	0.04	0.01	-0.01	-0.10	-0.28	-0.13	-0.06	0.01	-0.04
267	OE202A05	250bp short, unknown, rice EST	-0.24	0.02	-0.01	0.05	0.01	0.35	0.07	0.00	0.10
268	OE202A07	calnexin [Pisum sativum] from EST	0.10	0.03	0.02	0.00	-0.17	-0.09	-0.04	0.09	0.11
269	OE202A09	acyl carrier protein 3 precursor, chloroplast - barley	0.08	0.10	0.09	0.10	0.00	-0.01	0.04	0.15	0.14
270	OE202A11	not annotated	0.04	0.03	0.01	0.03	0.00	0.01	0.02	0.06	0.05
271	OE202C01	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.10	0.23	0.00	0.07	-0.07	-0.05	-0.01	0.08	0.11
272	OE202C03	putative oxysterol-binding protein [Arabidopsis]	0.01	0.03	0.05	0.03	0.03	-0.02	0.05	0.12	0.09
273	OE202C05	no hit rice EST	0.05	-0.02	0.04	0.00	0.03	-0.01	-0.01	-0.17	-0.35
274	OE202C07	nicotianamine synthase 1 [Oryza sativa]	-0.05	-0.38	-0.13	-0.38	-0.23	-0.31	-0.16	-0.54	-0.47
275	OE202C09	malate dehydrogenase (EC 1.1.1.-), cytosolic - maize	0.07	0.00	-0.06	-0.09	0.02	-0.04	-0.07	-0.09	-0.09
276	OE202C11	putative protein [Arabidopsis](AL035538)	0.00	-0.02	-0.02	0.03	0.05	0.05	-0.05	-0.01	-0.10
277	OE202E01	similar to D-amino acid transaminase [Staphylococcus haemolyticus]	-0.12	-0.27	-0.16	-0.25	-0.04	-0.04	-0.10	-0.46	-0.43
278	OE202E03	aspartate-tRNA ligase	-0.05	0.01	-0.01	0.10	0.00	0.06	-0.02	0.14	0.08
279	OE202E05	hypothetical protein [Arabidopsis]F27G19.90	-0.18	-0.32	-0.05	-0.15	-0.05	0.03	-0.03	-0.36	-0.33
280	OE202E07	unknown (CG7397 gene product [Drosophila melanogaster])	0.00	0.06	0.04	0.06	-0.02	0.00	-0.02	0.13	-0.05
281	OE202E09	hypothetical protein; similar to yeast YOR245c	0.02	0.02	0.12	0.20	0.16	0.08	0.02	0.18	0.11
282	OE202E11	putative ubiquitin-like protein [Arabidopsis]	0.02	0.09	0.12	0.20	0.19	0.14	0.07	0.20	0.08
283	OE202G01	no hit rice EST	-0.01	0.03	-0.14	-0.13	-0.14	-0.10	-0.11	-0.18	-0.21
284	OE202G03	phosphoglycerate kinase, chloroplast type	-0.07	-0.28	-0.03	-0.11	0.03	-0.01	-0.01	-0.22	-0.08
285	OE202G05	Similar to human CGI-33 protein [Arabidopsis]	-0.05	0.05	-0.09	-0.03	0.05	-0.04	-0.02	-0.46	Flag
286	OE202G07	glycine hydroxymethyltransferase (SHM-1, contig1135)	0.01	-0.09	-0.10	-0.04	-0.08	-0.03	-0.05	-0.27	-0.35
287	OE202G09	unknown (calcium channel BIII [Oryctolagus cuniculus])	0.00	0.01	-0.03	0.06	0.03	0.00	0.00	-0.06	-0.29
288	OE202G11	oryzain beta precursor [Oryza sativa]	0.06	-0.01	0.17	0.13	0.03	-0.01	0.14	0.09	-0.11
289	OE05A01	unknown protein [Arabidopsis](AC004005)	0.02	-0.03	-0.02	0.05	0.07	0.07	0.02	-0.05	-0.07
290	OE05A03	putative coatomer protein complex, beta 2	0.02	0.00	-0.03	0.04	-0.03	-0.05	-0.09	0.07	-0.03
291	OE05A05	no hit no EST	0.00	0.03	-0.01	0.11	0.06	0.07	0.04	0.12	0.00
292	OE05A07	no hit no EST	0.00	-0.09	-0.01	-0.06	-0.05	0.02	0.01	-0.11	-0.17
293	OE05A09	60S ribosomal protein L37	0.06	0.02	0.00	0.02	-0.04	-0.01	0.01	0.02	0.04
294	OE05A11	putative methyltransferase	0.05	0.03	0.01	0.15	0.05	0.05	0.00	0.02	0.11
295	OE05C01	no hit no EST	0.02	0.01	0.05	0.11	0.06	0.00	0.03	0.03	-0.05
296	OE05C03	no hit no EST	-0.03	-0.28	Flag	-0.09	-0.03	0.02	0.00	-0.19	-0.13
297	OE05C05	not annotated	Flag	-0.12	Flag	-0.08	-0.02	0.01	0.00	-0.04	-0.18

298	OE05C07	similar to octamer-dependent transcription factor, dOct2 - Drosophila	0.01	-0.08	0.01	0.07	0.04	0.03	0.03	-0.12	Flag
299	OE05C09	transport inhibitor response 3	0.02	-0.03	-0.02	0.07	0.06	0.00	-0.01	-0.03	-0.26
300	OE05C11	unknown	0.01	0.05	-0.04	0.09	-0.02	0.02	0.00	-0.10	-0.03
301	OE05E01	no hit no EST	0.00	-0.09	-0.04	0.00	0.01	-0.04	-0.08	-0.21	-0.14
302	OE05E03	no hit no EST	-0.05	-0.15	-0.08	0.03	0.10	0.04	-0.01	0.05	-0.06
303	OE05E05	unknown (SMF PROTEIN)	0.02	-0.03	0.02	0.14	-0.02	0.05	0.08	0.13	0.12
304	OE05E07	putative disease resistance response protein	0.04	-0.03	0.08	0.11	0.03	0.06	0.06	0.09	0.01
305	OE05E09	similar to cytochrome c oxidase subunit Vb	0.07	0.01	0.05	-0.01	-0.08	0.00	-0.01	0.06	0.06
306	OE05E11	40S ribosomal protein S5	0.08	0.20	0.05	0.11	-0.05	0.01	0.02	0.02	0.11
307	OE05G01	no hit no EST	0.05	0.02	-0.01	-0.02	-0.04	0.00	-0.04	-0.01	-0.03
308	OE05G03	60S ribosomal protein L30	0.15	0.24	-0.01	0.10	-0.03	-0.04	0.00	0.04	0.13
309	OE05G05	putative protein [Arabidopsis](AL133298)	0.04	-0.04	0.02	0.04	-0.05	-0.05	0.00	-0.07	0.02
310	OE05G07	unknown protein [Arabidopsis](AC006929)	0.05	-0.10	-0.07	0.03	-0.05	-0.06	-0.05	Flag	Flag
311	OE05G09	alpha-galactosidase	0.11	-0.06	-0.09	-0.07	0.04	-0.05	-0.21	-0.29	-0.46
312	OE05G11	prohibitin	0.04	0.13	-0.09	0.08	0.04	0.04	-0.05	-0.09	-0.13
313	OE04A01	not annotated	0.10	0.01	-0.02	-0.14	-0.12	-0.12	0.00	-0.11	-0.20
314	OE04A03	unknown (F47D2.3 gene product [C. elegans])	0.02	-0.01	-0.02	0.06	0.05	0.00	-0.01	0.04	-0.07
315	OE04A05	unknown (P23 protein, putative [Treponema pallidum])	0.06	0.07	0.01	0.04	0.00	-0.03	0.03	0.10	-0.08
316	OE04A07	unknown (cytochrome P450)	0.03	0.03	0.05	0.09	-0.04	0.04	-0.08	0.18	0.05
317	OE04A09	60S ribosomal protein L32	0.18	0.24	0.01	0.10	-0.04	-0.13	0.00	0.12	0.15
318	OE04A11	intracellular protease (pfpI)	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
319	OE04C01	unknown (b-chemokine receptor CCR4 [Homo sapiens])	-0.02	-0.11	-0.03	-0.08	-0.03	-0.03	0.03	-0.14	-0.10
320	OE04C03	unknown (phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31) - Flaveria pringlei)	0.00	0.00	0.02	0.07	0.03	0.02	0.06	0.04	0.08
321	OE04C05	fructose-bisphosphate aldolase (EC 4.1.2.13) isoenzyme C-1 cytosolic - rice	0.05	0.03	0.02	-0.02	-0.11	-0.07	-0.01	0.11	0.00
322	OE04C07	40S ribosomal protein S18	0.09	0.19	-0.03	0.08	-0.09	-0.08	0.00	-0.03	-0.13
323	OE04C09	translation initiation factor 5A from EST	0.04	-0.06	-0.06	-0.10	-0.07	-0.13	-0.11	-0.30	-0.29
324	OE04C11	unknown (homeobox protein [Mus musculus])	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
325	OE04E01	serine/threonine protein kinase	-0.16	-0.28	-0.07	-0.07	-0.01	0.12	-0.04	-0.10	-0.25
326	OE04E03	not annotated	-0.04	-0.08	0.06	0.05	0.01	0.04	0.00	0.00	-0.09
327	OE04E05	no hit rice EST	-0.09	0.02	-0.11	-0.02	0.15	0.05	-0.12	0.07	0.01
328	OE04E07	GF14 14-3-3 protein	0.03	0.11	0.12	0.16	0.00	0.01	0.06	0.24	0.16
329	OE04E09	hypothetical protein, Yeast (AL110469)	0.05	0.05	-0.04	0.04	-0.03	0.01	0.04	0.08	0.01
330	OE04E11	unknown (sterol delta-7 reductase [Arabidopsis])	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
331	OE04G01	unknown (polyprotein)	-0.03	-0.08	-0.02	-0.04	0.03	0.01	-0.01	-0.14	-0.11
332	OE04G03	no hit rice EST	-0.04	-0.10	0.01	0.04	0.02	0.00	0.02	-0.13	-0.05
333	OE04G05	no hit no EST	0.00	-0.02	0.01	-0.04	0.01	-0.04	0.02	-0.15	-0.14
334	OE04G07	putative ubiquinol-cytochrome C reductase complex	-0.05	-0.07	0.04	0.06	0.07	0.02	-0.02	0.08	0.00
335	OE04G09	no hit no EST	-0.02	-0.02	-0.02	0.15	0.04	0.02	-0.12	-0.13	Flag
336	OE04G11	subtilisin/chymotrypsin inhibitor	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
337	OC02A01	Homolog of the Contains similarity to protein phosphatase 2C, Arabi	-0.01	0.05	0.00	0.24	0.13	0.00	-0.02	0.09	-0.10
338	OC02A03	40S ribosomal protein S26	-0.05	0.03	-0.05	0.04	0.03	0.05	0.00	0.01	-0.04
339	OC02A05	cyclophilin 2 [Oryza sativa]	-0.08	-0.07	-0.05	0.10	0.08	0.12	0.11	0.10	0.06
340	OC02A07	no hit from EST	-0.06	-0.04	0.00	0.07	0.07	0.08	0.06	0.10	0.05
341	OC02A09	erythrocyte protein 4.4	0.06	0.11	-0.10	0.00	-0.13	-0.14	-0.05	0.06	0.12
342	OC02A11	not annotated	0.03	Flag	0.03	0.06	-0.04	-0.06	0.00	0.08	0.03
343	OC02C01	hydroxymyristol acyl carrier protein dehydrase	0.17	0.18	0.01	-0.05	-0.06	-0.11	0.03	0.05	0.08
344	OC02C03	H+-transporting ATP synthase from EST	0.05	0.02	-0.04	-0.07	-0.08	-0.07	-0.04	-0.06	0.02
345	OC02C05	60S ribosomal protein L5 from EST	0.16	0.13	-0.08	0.03	-0.15	-0.18	-0.05	-0.05	0.08
346	OC02C07	not annotated	-0.06	-0.08	0.06	-0.02	0.18	0.15	0.03	0.17	0.03
347	OC02C09	sucrose synthase-2, identical to sus2 [Oryza sativa]	0.13	0.02	-0.37	-0.51	-0.30	-0.34	-0.33	-0.41	-0.28
348	OC02C11	Cobalamin-Independent Methionine Synthase	0.13	0.06	-0.02	-0.04	0.06	-0.07	-0.12	0.02	-0.07
349	OC02E01	not annotated	0.08	-0.01	-0.01	-0.02	-0.01	0.02	-0.03	-0.09	-0.18
350	OC02E03	unknown (hydroxyproline-rich glycoprotein DZ-HRGP)	0.00	-0.04	0.00	0.12	0.05	0.08	0.00	0.10	-0.09

351	OC02E05	thymidine diphospho-glucose 4-6-dehydratase	-0.03	0.04	0.03	0.08	0.04	0.12	-0.01	0.17	0.00
352	OC02E07	proteasome IOTA subunit	0.00	-0.14	-0.07	0.05	0.02	-0.01	-0.03	-0.05	0.02
353	OC02E09	unknown protein [Arabidopsis](AC005287)	0.01	-0.16	0.00	-0.04	-0.02	-0.01	0.00	-0.10	-0.14
354	OC02E11	nucleotide-binding protein long form	-0.03	Flag	0.06	0.01	Flag	0.15	0.03	0.15	0.14
355	OC02G01	not annotated	0.12	0.21	0.02	0.08	0.01	-0.10	-0.01	0.08	0.14
356	OC02G03	ATP carrier protein - rice	0.12	0.12	0.04	0.00	0.04	-0.06	0.00	0.16	0.08
357	OC02G05	water channel protein (WCP-V)	-0.04	-0.14	0.06	-0.08	-0.14	0.06	0.05	0.12	-0.09
358	OC02G07	40S ribosomal protein S27	-0.04	-0.19	-0.09	-0.10	0.00	-0.06	-0.02	-0.19	-0.06
359	OC02G09	adenine phosphoribosyltransferase form 3	0.00	-0.19	-0.19	-0.26	-0.23	-0.13	-0.17	-0.29	-0.38
360	OC02G11	not annotated	0.04	-0.05	-0.06	-0.24	-0.19	-0.19	-0.11	-0.15	-0.17
361	OC05A01	unknown (dissimilatory sulfite reductase subunit alpha)	-0.04	-0.04	0.03	0.15	0.08	0.11	-0.01	-0.02	Flag
362	OC05A03	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001111)	0.10	Flag	-0.02	0.07	-0.09	-0.08	-0.03	-0.03	-0.01
363	OC05A05	hypothetical protein [Arabidopsis](AC007017)	-0.07	-0.10	0.00	0.07	0.08	0.12	0.04	0.03	-0.05
364	OC05A07	40S ribosomal protein S10	0.01	0.13	0.04	0.10	0.00	0.01	0.00	0.15	0.03
365	OC05A09	H ⁺ -transporting ATP synthase (EC 3.6.1.34) gamma chain, mitochondrial	0.01	0.00	-0.02	0.05	-0.06	-0.02	-0.06	0.07	0.00
366	OC05A11	unknown (immunoglobulin heavy chain variable region [Homo sapiens])	0.04	-0.07	0.05	0.12	0.05	0.10	0.04	0.09	0.01
367	OC05C01	not annotated	-0.06	0.04	0.00	0.21	0.18	0.06	0.07	0.17	0.10
368	OC05C03	inosine monophosphate dehydrogenase	0.04	0.13	0.04	0.07	-0.01	0.00	0.03	0.01	0.08
369	OC05C05	peroxidase	0.08	-0.06	Flag	-0.02	-0.04	0.06	0.04	-0.03	0.01
370	OC05C07	hypothetical protein [Arabidopsis]F8F16.160	0.02	0.04	-0.08	0.02	-0.04	0.00	-0.07	-0.06	-0.05
371	OC05C09	hypothetical protein [Arabidopsis]T30A10.90	0.04	-0.04	0.03	0.03	0.11	-0.01	-0.07	0.03	-0.06
372	OC05C11	aceE [Acetobacter xylinus]	0.04	0.01	-0.09	-0.05	-0.01	-0.05	-0.06	-0.31	-0.30
373	OC05E01	unknown (ferrityochelin binding protein PAB0393 - Pyrococcus abyssi)	0.03	0.06	-0.01	0.01	-0.05	-0.04	-0.10	-0.04	-0.12
374	OC05E03	mitochondrial ribosomal protein S14 [Oryza sativa], succinate dehydrogenase iron-protein subunit (SDHB) [Oryza sativa]	-0.03	-0.08	-0.04	0.03	0.11	0.10	0.00	-0.05	-0.11
375	OC05E05	no hit rice EST	0.00	0.07	0.03	0.13	0.03	-0.01	0.04	0.08	-0.15
376	OC05E07	unknown (glutamyl-tRNA reductase (EC1.2.1.-))	0.03	0.05	Flag	0.09	0.01	0.03	Flag	Flag	Flag
377	OC05E09	auxin response factor 7 [Arabidopsis]	0.05	0.00	-0.01	0.10	0.00	-0.03	0.00	-0.02	Flag
378	OC05E11	60S ribosomal protein L14, hydroxyproline rich glycoprotein PsHRGP1 [Pisum sativum]	0.07	0.16	-0.04	0.06	-0.06	-0.02	0.00	0.08	0.11
379	OC05G01	Ca ²⁺ -dependent mitochondrial carrier superfamily	-0.03	0.02	Flag	-0.11	-0.10	0.00	Flag	Flag	Flag
380	OC05G03	unknown (organic cationic transporter-like 3)	0.10	-0.05	-0.02	0.02	0.00	-0.03	0.03	-0.06	-0.07
381	OC05G05	unknown (tryptophan synthase (EC 4.2.1.20) alpha chain - Haemophilus, ubiquinol--cytochrome-c reductase (EC 1.10.2.2) cytochrome b)	0.15	0.25	-0.04	-0.09	-0.05	-0.09	0.01	-0.05	-0.04
382	OC05G07	translationally controlled tumor protein [Hevea brasiliensis]	0.03	0.09	-0.13	0.06	-0.14	0.03	0.05	0.00	0.09
383	OC05G09	unknown (CG15619 gene product [Drosophila melanogaster])	-0.07	-0.06	-0.14	-0.12	-0.09	-0.03	-0.05	-0.07	-0.08
384	OC05G11	60S acidic ribosomal protein PO	0.15	0.24	-0.02	0.03	-0.03	-0.11	-0.10	-0.09	-0.08
385	OE201A01	no hit rice EST	0.11	-0.10	0.04	-0.11	-0.14	-0.15	-0.05	-0.24	-0.22
386	OE201A03	phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3), cytosolic type from EST	-0.12	-0.33	-0.17	-0.26	0.05	0.00	-0.09	-0.51	-0.43
387	OE201A05	Ser/Thr kinase [Lycopersicon esculentum]	0.02	0.10	0.03	0.11	0.07	0.04	0.05	0.07	-0.10
388	OE201A07	putative translation initiation factor eIF-2B alpha subunit [Arabidopsis]	-0.07	-0.41	-0.17	-0.19	-0.09	0.02	-0.12	-0.42	-0.28
389	OE201A09	40S ribosomal protein S4	0.15	0.26	0.03	0.09	-0.01	-0.13	-0.02	0.06	0.07
390	OE201A11	no hit rice EST	0.00	0.03	-0.01	0.06	-0.09	-0.01	-0.03	0.00	-0.10
391	OE201C01	DnaJ protein [Hevea brasiliensis] from EST	-0.05	-0.13	-0.08	-0.10	0.06	0.09	0.02	-0.07	-0.13
392	OE201C03	calcium dependent protein kinase, identical to rice CDPK7	0.30	0.48	0.26	0.18	0.04	-0.13	0.12	0.31	0.18
393	OE201C05	unknown (olfactory receptor [Sus scrofa])	0.09	0.10	-0.03	0.09	0.01	-0.02	0.04	0.11	-0.06
394	OE201C07	putative protein [Arabidopsis](AL163527)	0.03	-0.06	-0.05	-0.04	-0.09	0.00	0.02	-0.17	-0.12
395	OE201C09	not annotated	-0.03	-0.05	-0.02	0.06	0.00	0.05	0.04	0.01	0.01

396	OE201C11	chloroplastic outer envelope membrane protein (OEP75)	0.01	-0.04	-0.09	0.09	-0.04	0.00	-0.17	-0.25	-0.42
397	OE201E01	hypothetical protein [Arabidopsis]F13C5.60	0.10	0.15	0.03	0.08	0.08	-0.05	0.02	-0.03	Flag
398	OE201E03	similar to protein phosphatase 2C (ABI1)	-0.02	-0.14	-0.05	-0.02	0.03	0.02	-0.04	-0.29	-0.36
399	OE201E05	unknown protein [Arabidopsis](AC005397)	-0.03	-0.02	-0.02	0.03	0.04	-0.01	-0.04	-0.09	-0.16
400	OE201E07	no hit no EST	0.05	0.10	0.03	0.10	0.01	0.00	-0.01	-0.02	-0.20
401	OE201E09	unknown (polyketide synthase [Streptomyces hygrosopicus])	0.03	-0.04	-0.03	0.09	0.05	0.05	0.00	-0.12	-0.15
402	OE201E11	hypothetical protein [Arabidopsis]F6I7.60	-0.05	-0.19	0.00	-0.01	0.05	0.03	0.01	-0.08	-0.19
403	OE201G01	unknown (putative histidine kinase [Arabidopsis]) from EST	-0.07	-0.16	0.02	-0.01	0.09	0.06	0.03	-0.08	-0.09
404	OE201G03	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic	0.00	-0.10	-0.01	-0.15	-0.08	-0.02	-0.04	-0.02	-0.17
405	OE201G05	not annotated	0.07	0.00	0.00	-0.05	-0.06	-0.03	-0.01	-0.06	-0.03
406	OE201G07	dnaK-type molecular chaperone hsc-1 - tomato	0.03	0.03	-0.03	0.02	-0.04	0.04	0.03	0.03	-0.03
407	OE201G09	unknown (invG protein)	0.03	0.03	0.01	0.09	0.03	-0.01	0.00	-0.10	-0.01
408	OE201G11	unknown (calcium-binding protein - sea urchin)	0.04	-0.06	0.05	0.04	0.09	-0.01	-0.06	-0.04	0.00
409	OC03A01	S-adenosylmethionine decarboxylase	0.06	-0.01	-0.12	-0.11	-0.17	-0.09	-0.17	-0.21	-0.28
410	OC03A03	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001111)	-0.07	-0.18	-0.05	0.00	0.05	0.02	-0.02	Flag	Flag
411	OC03A05	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001168)	-0.09	-0.15	-0.12	-0.03	0.02	-0.01	-0.04	-0.18	-0.17
412	OC03A07	unknown protein [Arabidopsis] peroxisomal farnesylated protein[Human]	-0.02	0.00	0.08	0.16	0.04	0.11	0.01	0.06	0.02
413	OC03A09	dTDP-glucose 4,6-dehydratase [Sulfolobus solfataricus]	0.10	0.06	0.07	0.06	0.04	0.06	-0.03	-0.06	-0.13
414	OC03A11	60S ribosomal protein L13A	0.09	0.16	0.00	0.09	0.03	-0.01	0.00	0.05	0.05
415	OC03C01	unknown (partial homology with (AF195950), adrenal gland protein AD-004)	0.06	0.08	0.01	0.15	-0.03	-0.01	-0.01	0.06	0.12
416	OC03C03	no hit no EST	-0.12	-0.14	-0.07	-0.03	0.03	0.15	-0.01	0.00	-0.11
417	OC03C05	not annotated	0.01	0.17	-0.08	0.15	0.01	0.00	0.00	-0.01	0.00
418	OC03C07	AC007764 Arabidopsis (putative disease resistance responsive protein)	Flag	0.03	0.00	-0.23	-0.25	-0.12	0.01	-0.13	-0.06
419	OC03C09	unknown (streptomycin adenylase [Lactococcus lactis])	-0.08	-0.33	-0.09	-0.07	0.01	0.01	0.00	-0.34	-0.12
420	OC03C11	hypothetical protein [Arabidopsis]T28D5.40(transcription factor Tat-CT1 [Homo sapiens])	-0.02	-0.01	0.00	-0.04	0.03	-0.04	-0.10	0.05	0.07
421	OC03E01	putative peptide methionine sulfoxide reductase [Arabidopsis]	0.01	0.01	-0.02	0.07	0.03	-0.04	0.01	-0.11	Flag
422	OC03E03	uncoupling protein (clone StUCP7), mitochondrial - potato	0.01	0.06	-0.05	0.12	0.05	0.00	-0.05	-0.14	Flag
423	OC03E05	hypothetical protein [Arabidopsis]F3L17.60	0.00	-0.03	-0.05	-0.01	-0.04	-0.01	-0.03	-0.12	-0.20
424	OC03E07	not annotated	0.08	-0.19	-0.04	-0.18	0.02	0.02	-0.03	-0.02	-0.24
425	OC03E09	putative protein (ADP-ribosylation factor 1) Oryza from EST	-0.09	0.03	0.06	-0.05	-0.01	0.16	-0.02	0.15	-0.47
426	OC03E11	phospholipase D [Arabidopsis]	0.02	0.09	-0.07	0.08	0.02	0.08	0.04	0.08	-0.19
427	OC03G01	hypothetical protein APE2004	0.06	0.04	0.02	0.07	0.03	0.03	0.09	0.03	-0.12
428	OC03G03	water channel protein (WCP-II)	-0.11	-0.25	-0.03	-0.08	-0.05	0.15	0.02	0.02	-0.18
429	OC03G05	F1-ATP synthase, beta subunit [Sorghum bicolor]	0.01	0.14	-0.01	0.08	0.00	-0.02	-0.06	0.02	-0.01
430	OC03G07	glycine-serine rich protein-(2), contig ID1539-1112-446	0.22	-0.01	0.04	-0.18	-0.17	-0.09	-0.15	-0.33	-0.23
431	OC03G09	60S ribosomal protein L26	Flag	Flag	0.01	0.09	Flag	-0.08	0.04	0.02	0.23
432	OC03G11	valosin-containing protein [Glycine max], transitional endoplasmic reticulum ATPase	0.06	0.06	0.05	0.12	0.12	0.09	0.04	0.16	0.11
433	OC103A02	no hit no EST	0.04	0.00	0.05	0.02	0.00	-0.02	0.03	0.02	-0.06
434	OC103A04	monodehydroascorbate reductase, cytosolic	0.02	0.01	0.14	0.09	0.16	0.06	0.03	0.14	0.08
435	OC103A06	putative protein [Arabidopsis](AL049711)	-0.03	-0.06	-0.03	-0.04	0.00	Flag	0.01	0.13	-0.08
436	OC103A08	not annotated	0.07	0.17	-0.03	0.03	0.02	Flag	0.04	0.11	0.05
437	OC103A10	40S ribosomal protein S14	0.05	0.10	0.00	0.06	-0.05	Flag	0.05	0.06	-0.03
438	OC103A12	40S ribosomal protein S19	0.13	0.19	-0.01	0.08	0.03	Flag	0.03	0.11	0.06
439	OC103C02	60S ribosomal protein L34	0.10	0.13	0.00	0.06	-0.15	-0.11	0.02	0.13	0.09
440	OC103C04	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.10	-0.05	-0.07	-0.19	-0.16	-0.29	-0.04	0.06	-0.05
441	OC103C06	transcription factor BTF3 homolog [MOUSE]	0.03	0.04	-0.04	0.03	0.04	-0.07	-0.03	0.02	-0.06
442	OC103C08	60S ribosomal protein L17 or L23	0.05	0.09	-0.09	-0.02	0.03	-0.13	-0.01	0.06	0.08

443	OC103C10	unknown protein [Arabidopsis](AC006234)	0.02	0.04	0.05	0.01	-0.01	0.00	0.00	0.03	-0.08
444	OC103C12	60S ribosomal protein L34	0.05	0.08	-0.03	0.01	-0.02	-0.05	-0.01	0.08	0.00
445	OC103E02	adenosine kinase [Zea mays]	0.16	0.11	0.08	-0.04	-0.01	-0.14	-0.02	0.08	0.04
446	OC103E04	glycine-serine rich protein-(2), contig ID430-1112-1539	0.36	0.17	0.11	-0.10	-0.26	-0.21	-0.14	-0.13	-0.19
447	OC103E06	hypothetical protein [Arabidopsis]F8K4.8	-0.04	0.01	0.02	0.02	0.01	-0.02	0.03	0.09	-0.04
448	OC103E08	heat shock protein 82 (HSP82)	-0.05	0.06	-0.15	0.01	-0.03	Flag	0.06	0.13	-0.13
449	OC103E10	translation initiation factor eIF3 p66 subunit Human]	-0.02	-0.03	-0.03	0.03	-0.09	Flag	0.01	0.09	0.00
450	OC103E12	ubiquitin / ribosomal protein S27a.1 - barley	-0.01	0.01	-0.06	-0.04	-0.07	Flag	0.01	-0.07	-0.13
451	OC103G02	peroxidase ATP19a [Trifolium repens]	0.07	-0.14	0.00	-0.25	-0.47	-0.33	0.04	-0.01	-0.08
452	OC103G04	elongation factor 1B gamma [Oryza sativa]	0.10	0.14	-0.06	0.11	0.00	-0.06	-0.01	0.09	0.00
453	OC103G06	poly(A)-binding protein	0.05	0.09	-0.06	0.05	-0.02	-0.08	-0.02	0.10	-0.05
454	OC103G08	peptide transport protein - barley	0.01	-0.15	-0.05	-0.01	0.06	0.05	0.01	0.05	-0.06
455	OC103G10	no hit no EST	-0.03	-0.17	-0.05	-0.10	0.00	-0.04	-0.02	-0.27	-0.28
456	OC103G12	calnexin [Zea mays]	0.06	-0.02	-0.05	Flag	-0.12	-0.04	-0.10	0.11	0.05
457	OC102A02	hypothetical protein, AL132955 [Arabidopsis]	-0.07	-0.06	Flag	-0.01	0.01	0.07	Flag	Flag	Flag
458	OC102A04	60S ribosomal protein L9	0.13	0.20	0.03	0.12	0.05	-0.06	0.03	0.12	0.07
459	OC102A06	auxin-repressed protein [Fragaria x ananassa], dormancy-associated protein [Arabidopsis] from EST	-0.06	-0.15	-0.01	0.00	0.13	0.09	0.04	0.08	-0.10
460	OC102A08	peroxidase ATP9a [Arabidopsis]	-0.11	-0.27	-0.12	-0.20	-0.08	-0.13	-0.04	-0.40	-0.42
461	OC102A10	alpha-hydroxynitrile lyase	-0.04	-0.12	0.00	-0.02	-0.01	0.02	0.00	-0.11	-0.14
462	OC102A12	reversibly glycosylated polypeptide-2 [Arabidopsis]	0.11	0.06	0.06	-0.02	-0.06	-0.10	-0.01	0.09	0.00
463	OC102C02	60S ribosomal protein L15	0.09	0.10	0.05	0.09	0.03	-0.07	0.02	0.15	0.05
464	OC102C04	40S ribosomal protein S29	0.07	0.03	-0.01	-0.01	-0.08	-0.11	-0.01	0.13	0.00
465	OC102C06	RNA/ssDNA-binding protein TAFII68 - human	0.02	-0.09	0.03	-0.05	-0.11	-0.11	-0.01	-0.22	-0.23
466	OC102C08	not annotated	0.06	-0.24	-0.10	-0.20	-0.12	-0.25	-0.01	0.12	-0.07
467	OC102C10	not annotated	0.13	-0.47	-0.04	-0.35	0.04	0.03	0.03	0.00	-0.21
468	OC102C12	histone H4	0.17	0.14	-0.02	-0.07	0.03	-0.22	0.02	0.05	-0.06
469	OC102E02	eukaryotic translation initiation factor 5 [Zea mays]	0.03	-0.06	0.00	-0.02	-0.01	-0.05	-0.04	0.15	-0.02
470	OC102E04	gda-1 [Pisum sativum]	0.07	0.12	0.30	0.29	0.16	0.25	0.13	0.39	0.26
471	OC102E06	calmodulin-binding heat-shock protein, CaMBP	0.08	0.12	0.08	0.05	0.05	-0.06	0.05	0.10	-0.04
472	OC102E08	60S ribosomal protein L18	0.08	0.20	0.05	0.07	0.02	-0.11	0.03	0.10	0.02
473	OC102E10	60S ribosomal protein L10	0.07	0.19	0.04	0.13	0.05	0.03	0.05	0.20	0.08
474	OC102E12	phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31) CP21 - sorghum from EST	-0.12	-0.17	-0.21	-0.17	0.06	0.09	-0.12	-0.24	-0.29
475	OC102G02	histone H4	0.05	0.04	-0.01	-0.08	0.01	-0.10	0.02	-0.05	-0.14
476	OC102G04	12-oxo-phytyldienoate reductase [Arabidopsis]	0.02	0.00	0.07	0.03	-0.03	0.00	0.05	0.05	-0.05
477	OC102G06	alpha-galactosidase	0.13	-0.02	-0.08	-0.07	-0.01	-0.08	-0.15	-0.14	-0.30
478	OC102G08	Hypothetical protein [Caenorhabditis]Y38C1BA.1	0.09	0.05	0.02	0.05	0.00	-0.03	0.01	0.12	0.00
479	OC102G10	trehalose-6P phosphatase - fission yeast	0.01	0.10	0.12	0.12	0.13	-0.27	0.13	0.20	-0.04
480	OC102G12	histone H2A	0.07	0.00	-0.03	-0.12	-0.02	-0.21	-0.01	-0.12	-0.15
481	OD102A02	not annotated	0.00	-0.02	-0.02	-0.01	0.00	-0.01	-0.02	-0.02	-0.07
482	OD102A04	not annotated	-0.11	-0.24	-0.07	-0.12	-0.01	-0.04	-0.07	-0.35	-0.33
483	OD102A06	60S acidic ribosomal protein P1a	-0.02	-0.02	0.02	0.04	0.03	0.05	0.04	0.15	-0.02
484	OD102A08	hypothetical protein [Arabidopsis](AC021640)	0.04	0.03	0.08	0.06	-0.02	0.00	0.08	0.17	0.00
485	OD102A10	not annotated	-0.10	-0.12	-0.06	-0.07	0.03	-0.03	0.00	-0.19	-0.30
486	OD102A12	40S ribosomal protein S28	0.02	0.01	0.01	0.06	0.06	0.03	0.05	0.10	0.06
487	OD102C02	putative nitrilase-associated protein [Arabidopsis]	-0.02	0.04	0.04	0.09	0.05	0.01	0.05	0.11	-0.02
488	OD102C04	not annotated	-0.10	-0.11	-0.18	-0.01	0.02	0.03	-0.01	0.19	0.05
489	OD102C06	protein cdc2 kinase [Zea mays]	0.01	0.01	0.00	0.03	0.00	-0.04	0.00	0.12	-0.05
490	OD102C08	not annotated	0.03	0.03	0.00	-0.02	-0.04	-0.04	0.00	0.00	-0.09
491	OD102C10	kinesin-related protein katC - Arabidopsis	-0.05	-0.13	-0.15	-0.08	-0.04	-0.05	-0.05	-0.34	-0.30
492	OD102C12	not annotated	-0.02	-0.06	0.01	-0.03	-0.02	-0.05	-0.02	-0.10	-0.14
493	OD102E02	no hit rice EST	-0.04	-0.01	0.01	-0.02	-0.01	-0.02	-0.02	-0.15	-0.14
494	OD102E04	40S ribosomal protein S11	-0.05	0.04	-0.03	0.00	0.03	0.03	-0.04	0.00	-0.01
495	OD102E06	no hit rice EST	0.02	0.00	0.04	0.02	0.02	-0.06	0.01	-0.19	-0.17

496	OD102E08	hypothetical protein [Arabidopsis](AL357612)	0.03	-0.01	0.00	0.04	0.02	0.00	0.03	0.11	-0.06
497	OD102E10	fructose-bisphosphate aldolase, plastid type	-0.04	-0.05	-0.04	-0.01	0.07	0.00	0.01	-0.07	-0.11
498	OD102E12	no hit rice EST	0.00	-0.07	0.00	0.00	-0.03	-0.05	-0.01	-0.08	-0.11
499	OD102G02	histidyl-tRNA synthetase [Arabidopsis] from EST	-0.01	-0.05	-0.02	-0.02	-0.03	-0.03	0.01	-0.02	-0.09
500	OD102G04	not annotated	-0.07	-0.14	-0.08	-0.08	-0.03	-0.03	-0.04	-0.21	-0.19
501	OD102G06	60s ribosomal protein L36	0.01	0.06	0.11	0.03	-0.08	-0.06	0.00	0.11	-0.01
502	OD102G08	60S ribosomal protein L5	0.16	0.23	0.03	0.08	-0.09	-0.14	-0.05	0.10	0.06
503	OD102G10	permease 1 [Zea mays]	-0.01	0.00	0.09	0.01	0.11	-0.04	-0.02	0.20	0.01
504	OD102G12	unknown (preprotein translocase secA)	-0.03	-0.10	-0.02	0.00	0.05	0.03	0.01	0.10	-0.06
505	OD103A02	not annotated	0.00	0.04	0.05	0.05	0.08	0.02	0.02	0.19	-0.01
506	OD103A04	not annotated	-0.06	-0.07	0.00	-0.04	0.04	0.00	0.00	-0.05	-0.16
507	OD103A06	unknown protein [Arabidopsis](AC007017)	0.02	-0.01	-0.01	-0.06	-0.02	-0.08	-0.03	-0.17	-0.20
508	OD103A08	not annotated	0.04	0.05	-0.02	0.06	0.02	0.04	0.01	0.08	0.02
509	OD103A10	not annotated	0.09	-0.04	0.03	-0.02	0.00	-0.02	0.03	0.10	-0.08
510	OD103A12	not annotated	0.00	-0.02	-0.02	0.04	0.02	0.05	0.00	0.10	-0.10
511	OD103C02	UDPglucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)	0.05	-0.08	-0.04	-0.05	-0.06	-0.06	0.00	-0.11	-0.22
512	OD103C04	beta-amylase enzyme Homologue [Oryza sativa]	0.02	-0.12	-0.04	-0.03	0.03	-0.02	-0.01	-0.18	-0.24
513	OD103C06	unknown (putative integral membrane protein [Arabidopsis])	-0.06	-0.24	0.03	-0.01	0.13	0.07	0.03	0.16	-0.06
514	OD103C08	Similar to Arabidopsis thaliana APK1 gene for protein tyrosine-serine-threonine	0.02	-0.03	-0.08	0.03	0.02	-0.01	-0.02	0.06	-0.07
515	OD103C10	not annotated	-0.01	-0.07	-0.06	0.01	0.04	0.08	-0.02	0.07	-0.03
516	OD103C12	not annotated	-0.03	-0.01	-0.07	-0.05	0.04	-0.02	-0.01	-0.03	-0.12
517	OD103E02	not annotated	0.01	-0.04	-0.02	0.03	0.08	0.05	0.02	0.10	-0.04
518	OD103E04	ATP citrate lyase [Homo sapiens] from EST	0.03	0.00	-0.02	-0.02	-0.01	-0.05	-0.03	0.01	-0.07
519	OD103E06	not annotated	0.05	-0.10	-0.02	-0.03	0.01	0.02	-0.02	-0.06	-0.14
520	OD103E08	not annotated	0.00	-0.23	0.03	-0.09	-0.01	-0.03	0.00	-0.20	-0.25
521	OD103E10	acetoacetyl CoA thiolase (acetyl coenzyme A acetyltransferase)	0.00	-0.02	-0.02	0.03	0.04	-0.03	0.03	0.06	0.00
522	OD103E12	not annotated	0.00	0.05	0.05	0.03	-0.03	0.02	0.08	0.16	-0.10
523	OD103G02	RNA polymerase II 23kD subunit [Homo sapiens]	0.00	-0.02	-0.02	-0.02	0.02	0.05	0.01	0.04	-0.03
524	OD103G04	unknown (protein kinase ATN1-like protein, drebrin A [Mus musculus])	0.00	0.01	0.05	0.04	0.04	0.05	0.02	0.07	0.00
525	OD103G06	no hit rice EST	0.00	-0.13	0.00	0.03	0.03	0.10	0.02	0.05	-0.06
526	OD103G08	delta-12 oleate desaturase, omega-6 fatty acid desaturase (EC 1.14.99.-)	0.04	-0.01	-0.05	0.00	-0.03	0.05	-0.08	0.04	-0.10
527	OD103G10	60S ribosomal protein L10-e or putative tumor suppressor	0.00	-0.10	-0.02	-0.02	-0.02	0.08	-0.01	-0.02	-0.10
528	OD103G12	not annotated	-0.08	-0.09	-0.04	0.00	0.06	0.06	0.06	0.04	-0.13
529	OCP06A02	not annotated	-0.02	-0.04	0.00	0.00	0.01	0.03	0.00	0.03	0.00
530	OCP06A04	not annotated	-0.01	0.00	0.00	-0.05	-0.11	0.02	0.00	0.07	0.00
531	OCP06A06	not annotated	0.02	0.05	-0.02	0.05	0.00	-0.04	-0.01	0.06	-0.02
532	OCP06A08	similar to phosphoenolpyruvate carboxylase kinase [Lycopersicon]	0.05	-0.01	0.05	0.02	-0.09	-0.01	0.04	0.13	0.00
533	OCP06A10	not annotated	0.00	-0.01	0.05	0.04	-0.05	0.00	0.00	0.02	-0.06
534	OCP06A12	pectinesterase (EC 3.1.1.11) precursor (clone PE1) - tomato	0.01	-0.17	-0.01	-0.10	-0.04	0.00	-0.01	-0.21	-0.28
535	OCP06C02	unknown (zinc inducible protein homolog - rice)	0.05	0.00	0.04	0.02	-0.15	-0.03	0.03	0.06	-0.03
536	OCP06C04	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic contig ID158	0.04	-0.06	0.15	-0.07	0.00	0.00	0.00	0.06	-0.07
537	OCP06C06	not annotated	0.07	0.04	0.02	-0.02	-0.05	-0.03	-0.02	0.07	-0.01
538	OCP06C08	not annotated	0.20	0.26	0.03	0.16	-0.10	-0.17	-0.04	0.12	0.07
539	OCP06C10	Cobalamin-Independent Methionine Synthase	0.15	0.08	0.06	0.04	0.03	-0.07	-0.08	0.04	0.02
540	OCP06C12	unknown (HrES-AP [Halocynthia roretzi])	-0.05	-0.06	-0.02	-0.06	-0.05	-0.04	-0.05	-0.16	-0.21
541	OCP06E02	not annotated	0.05	0.01	-0.01	-0.01	0.03	-0.01	-0.02	0.03	0.00
542	OCP06E04	Tic22 [Pisum sativum]	0.04	0.03	-0.02	0.00	-0.02	Flag	-0.02	0.06	0.02
543	OCP06E06	not annotated	0.02	0.02	-0.01	0.00	0.00	0.00	-0.06	0.09	-0.07
544	OCP06E08	not annotated	0.10	0.20	0.01	-0.01	-0.07	-0.07	-0.04	0.04	0.01
545	OCP06E10	40S ribosomal protein S26 or S31	0.01	Flag	Flag	-0.04	-0.02	-0.05	0.00	-0.09	-0.11
546	OCP06E12	unknown (CG3599 gene product [Drosophila])	0.19	0.08	-0.01	-0.14	-0.15	-0.06	-0.07	-0.12	-0.19

547	OCP06G02	histone H2A	0.06	-0.03	0.01	-0.01	0.03	0.02	0.00	0.07	-0.04
548	OCP06G04	ubiquitin activating enzyme [Triticum aestivum]	-0.02	-0.06	-0.02	0.00	0.05	0.04	-0.02	0.03	-0.05
549	OCP06G06	serine/threonine protein kinase [Arabidopsis]	0.05	0.02	-0.06	-0.05	-0.11	-0.04	-0.03	-0.10	-0.14
550	OCP06G08	histone H2A	0.08	-0.03	-0.05	-0.10	-0.07	-0.11	-0.03	-0.11	-0.17
551	OCP06G10	not annotated	0.05	-0.24	-0.10	-0.18	-0.11	-0.14	-0.02	0.04	-0.10
552	OCP06G12	Nramp1 protein - rice	0.02	0.11	0.09	0.06	-0.06	0.00	0.07	0.24	0.11
553	OE105A02	not annotated	-0.10	-0.17	-0.14	-0.14	-0.02	-0.05	0.00	-0.36	-0.28
554	OE105A04	triosephosphate isomerase (TRP-1)	-0.14	-0.03	-0.09	0.09	0.27	0.22	-0.02	0.13	-0.04
555	OE105A06	40S ribosomal protein SA (P40) from EST	0.10	0.13	-0.02	0.04	0.04	-0.03	0.00	-0.02	-0.01
556	OE105A08	similar to UDP galactose epimerase	0.08	0.00	0.16	0.12	0.13	0.05	-0.02	0.22	0.06
557	OE105A10	no hit no EST	-0.04	-0.08	0.00	-0.03	-0.08	-0.18	0.00	-0.05	-0.14
558	OE105A12	not annotated	-0.01	-0.08	-0.04	-0.02	-0.01	-0.05	0.00	-0.08	-0.12
559	OE105C02	60S ribosomal protein L27a	0.10	0.05	0.03	0.01	-0.06	-0.08	0.06	0.04	0.00
560	OE105C04	similar to zinc finger transcription factor Kaiso	0.07	0.02	0.02	0.04	0.05	0.00	0.01	0.14	-0.03
561	OE105C06	not annotated	-0.01	0.08	-0.10	-0.07	-0.09	0.03	-0.06	0.07	-0.10
562	OE105C08	not annotated	-0.03	-0.27	0.05	-0.11	0.09	0.05	0.02	-0.05	-0.19
563	OE105C10	unknown (Similar to Antirrhinum majus transposon Tam3 gene)	0.02	-0.08	0.02	0.00	0.03	-0.02	-0.04	0.06	-0.08
564	OE105C12	unknown (kinesin-like molecule [Leishmania major])	-0.10	-0.34	-0.19	-0.26	-0.04	-0.10	-0.07	-0.41	-0.38
565	OE105E02	no hit no EST	-0.06	-0.21	-0.13	-0.11	0.00	0.00	-0.05	-0.33	-0.33
566	OE105E04	similar to small zinc finger-like protein [Oryza sativa]	-0.05	-0.07	-0.04	0.01	-0.01	-0.02	-0.02	-0.14	-0.19
567	OE105E06	40S ribosomal protein S3a	-0.01	Flag	-0.07	-0.08	-0.07	-0.06	-0.05	-0.17	-0.15
568	OE105E08	not annotated	0.02	-0.03	-0.10	-0.01	0.02	-0.01	-0.07	0.00	-0.02
569	OE105E10	not annotated	0.08	-0.02	0.00	0.03	0.00	0.01	0.06	0.12	-0.02
570	OE105E12	not annotated	-0.12	-0.05	0.04	0.15	0.20	0.14	0.10	0.03	-0.03
571	OE105G02	not annotated	0.08	-0.02	-0.02	0.06	0.02	0.01	0.04	0.10	-0.06
572	OE105G04	40S ribosomal protein S19 from EST	0.06	0.06	-0.04	0.01	0.00	-0.08	0.04	0.00	-0.06
573	OE105G06	very short 3'prime ends	0.07	0.04	-0.02	0.03	0.04	-0.03	0.05	0.13	-0.01
574	OE105G08	hypothetical protein [Picea marina] from EST	0.03	-0.08	0.01	0.01	0.06	0.02	0.01	-0.02	-0.10
575	OE105G10	hypothetical protein [Arabidopsis]F27L4.1	0.02	-0.08	-0.05	-0.02	0.03	0.02	0.03	0.02	-0.05
576	OE105G12	not annotated	Flag	Flag	Flag	0.05	Flag	-0.01	0.00	Flag	Flag
577	OC104A02	water channel protein (WCP-I)	-0.25	-0.44	-0.11	-0.21	0.09	0.40	0.10	0.21	-0.19
578	OC104A04	putative protein [Arabidopsis](AL133421)	-0.02	0.01	-0.05	0.03	0.03	0.02	0.03	0.16	-0.01
579	OC104A06	60S ribosomal protein L27a	0.09	0.06	0.00	-0.04	-0.02	-0.08	0.01	-0.02	-0.06
580	OC104A08	unknown (multi PDZ domain protein 1 Ratt), no EST	0.03	-0.05	0.01	-0.01	0.13	0.06	0.02	0.18	0.03
581	OC104A10	phenylalanine ammonia-lyase	0.17	-0.07	0.06	-0.17	0.03	0.01	0.01	0.00	-0.17
582	OC104A12	40S ribosomal protein S26	0.05	0.02	-0.01	0.00	0.00	-0.09	0.01	-0.02	-0.07
583	OC104C02	reversibly glycosylated polypeptide (RGP1) cell wall synthesis	0.14	0.05	0.12	0.03	-0.02	-0.03	0.05	0.10	-0.01
584	OC104C04	ribosomal protein S6 kinase (EC 2.7.-.-) II - rat	0.05	-0.15	-0.01	-0.03	0.01	0.03	0.03	0.05	-0.13
585	OC104C06	60S ribosomal protein L7A	0.13	0.13	0.05	0.09	0.06	-0.07	0.03	0.18	0.07
586	OC104C08	hypothetical protein [Arabidopsis] (AL161546) (Z97343)	0.05	-0.03	0.06	0.06	0.07	0.00	0.02	0.14	-0.02
587	OC104C10	60S ribosomal protein L13	-0.07	0.06	-0.06	0.05	0.16	0.16	0.03	0.16	0.01
588	OC104C12	cyclophilin 2 [Oryza sativa]{peptidylprolyl isomerase (EC 5.2.1.8) Cyp2}	0.02	-0.01	0.09	0.24	0.16	0.12	0.06	0.27	0.22
589	OC104E02	not annotated	-0.02	-0.05	-0.08	-0.07	0.00	0.00	-0.05	-0.05	-0.11
590	OC104E04	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.06	0.02	-0.08	-0.17	-0.12	-0.21	-0.07	0.05	-0.05
591	OC104E06	not annotated	-0.04	-0.01	-0.10	-0.01	0.00	0.09	0.05	0.07	-0.09
592	OC104E08	probable DNA-binding protein GBP16 - rice full length	0.01	-0.01	-0.03	0.00	0.06	-0.02	-0.05	-0.02	-0.10
593	OC104E10	not annotated	0.05	0.13	0.00	0.05	-0.03	-0.06	0.00	0.10	0.03
594	OC104E12	not annotated	0.00	0.03	0.11	0.13	0.12	0.09	0.02	0.16	-0.02
595	OC104G02	reversibly glycosylated polypeptide [Oryza sativa]	0.07	0.06	-0.02	0.01	-0.03	-0.06	0.03	0.10	-0.04
596	OC104G04	homologous to NADH:ubiquinone oxidoreductase PGIV subunit [Homo sapiens], (AC011623) unknown protein [Arabidopsis]	0.05	0.05	0.02	0.03	-0.07	-0.05	0.03	0.07	-0.03
597	OC104G06	periplasmic divalent cation tolerance protein	0.14	0.12	0.03	0.09	0.00	-0.10	-0.02	0.05	-0.02
598	OC104G08	nucleoside diphosphate kinase (NDPK-1)	0.17	0.26	0.12	0.05	-0.22	-0.24	0.00	0.11	0.08

599	OC104G10	not annotated	0.03	0.00	-0.02	0.07	-0.01	0.05	0.05	0.12	-0.06
600	OC104G12	60S ribosomal protein L13	0.14	0.11	0.08	0.03	0.08	-0.08	-0.07	0.13	0.03
601	OC101A02	ubiquinol-cytochrome c reductase (EC 1.10.2.2) 11K protein - potato	-0.02	-0.09	0.03	0.04	0.05	0.06	0.04	0.15	-0.02
602	OC101A04	unknown, rice EST	0.08	0.01	-0.11	-0.01	-0.11	-0.11	-0.03	0.08	0.04
603	OC101A06	60S acidic ribosomal protein P1a	0.08	0.06	0.00	-0.01	0.00	-0.05	0.00	0.09	-0.03
604	OC101A08	60S RIBOSOMAL PROTEIN L10-1 (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR SC34)	0.05	0.10	-0.02	0.01	-0.04	-0.03	-0.02	0.14	0.03
605	OC101A10	not annotated	-0.04	-0.15	-0.02	0.01	0.10	0.06	0.03	0.03	-0.06
606	OC101A12	not annotated	0.00	-0.01	0.02	-0.08	-0.04	-0.02	0.06	0.02	-0.10
607	OC101C02	glutathione S-transferase II [Oryza sativa] full length	0.07	-0.05	0.09	0.05	0.11	0.10	-0.02	0.11	0.04
608	OC101C04	60S ribosomal protein L17	0.01	0.09	-0.06	0.03	0.05	0.03	0.06	0.05	-0.02
609	OC101C06	60S ribosomal protein L27a	0.10	0.11	0.00	0.05	-0.02	-0.03	0.04	0.11	0.00
610	OC101C08	proteinase inhibitor [Zea mays]	0.02	-0.05	0.04	0.09	0.08	0.05	0.07	0.21	-0.02
611	OC101C10	40S ribosomal protein S18A	0.00	0.10	-0.01	0.06	0.06	0.03	0.01	0.12	-0.02
612	OC101C12	60S acidic ribosomal protein P1a	0.05	0.07	0.08	0.04	0.08	-0.01	0.05	0.20	-0.07
613	OC101E02	40S ribosomal protein SA (P40)	0.01	0.03	0.01	0.03	0.02	0.02	-0.01	0.05	-0.02
614	OC101E04	nascent polypeptide-associated complex alpha chain, muscle splice form gp220 - mouse	0.06	0.03	-0.06	0.03	-0.03	-0.02	-0.06	0.00	0.00
615	OC101E06	unknown (ATP synthase 6KD, mitochondrial)	0.02	0.00	-0.02	0.03	-0.02	-0.09	-0.01	-0.06	-0.12
616	OC101E08	calreticulin calcium-binding protein	0.03	-0.03	-0.02	0.00	0.04	0.03	-0.12	0.12	0.11
617	OC101E10	dnaJ protein homolog DnaJ-1 - cucumber	-0.06	-0.01	-0.09	0.01	0.06	0.06	0.00	0.11	-0.09
618	OC101E12	not annotated	0.01	-0.04	0.02	0.07	0.03	0.03	0.05	0.05	-0.08
619	OC101G02	unknown (H ⁺ -transporting ATP synthase (EC 3.6.1.34) chain d precursor - rat)	-0.01	-0.04	0.00	0.08	-0.05	0.01	0.02	0.07	-0.08
620	OC101G04	no hit rice EST	-0.01	-0.07	-0.01	0.02	0.05	0.06	0.03	0.08	-0.10
621	OC101G06	40S ribosomal protein S8	0.06	0.10	0.00	0.09	-0.01	0.03	0.01	0.12	-0.02
622	OC101G08	not annotated	0.01	-0.03	-0.06	-0.05	0.01	-0.10	0.00	-0.04	-0.12
623	OC101G10	similar to high mobility group protein HMGc2 - maize	0.06	0.03	0.04	0.09	-0.05	0.02	0.01	0.10	-0.02
624	OC101G12	not annotated	0.05	0.05	0.02	0.03	-0.02	-0.05	-0.03	-0.03	-0.08
625	OE06A02	FUSCA protein (Fus6) AF160800 - rice	0.08	0.02	0.02	0.09	-0.03	-0.02	-0.04	0.05	-0.03
626	OE06A04	receptor like protein kinase	0.09	0.01	-0.02	0.03	0.03	0.00	-0.03	0.06	-0.02
627	OE06A06	soluble inorganic pyrophosphatase	-0.02	-0.10	-0.08	-0.10	0.03	-0.04	-0.07	-0.18	-0.21
628	OE06A08	alanine transaminase	-0.14	0.00	-0.09	0.11	0.27	0.14	-0.02	0.16	-0.04
629	OE06A10	40S ribosomal protein S10	0.11	0.13	-0.05	0.02	-0.04	-0.02	-0.06	0.09	0.03
630	OE06A12	not annotated	0.06	0.04	-0.12	0.04	-0.04	-0.06	-0.08	0.08	0.06
631	OE06C02	no hit no EST	0.06	0.08	0.06	0.13	0.05	-0.01	0.00	0.14	-0.02
632	OE06C04	no hit no EST	-0.02	-0.09	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.05	-0.08
633	OE06C06	transcription factor HBP-1a	0.05	-0.05	0.01	0.00	0.02	-0.04	0.01	0.08	-0.10
634	OE06C08	putative ABC-transporter TycD [Brevibacillus brevis]	0.09	-0.05	0.03	0.00	-0.03	-0.03	-0.03	0.09	-0.07
635	OE06C10	unknown (glutamate permease [synthetic construct])	0.04	0.00	-0.03	0.01	-0.02	-0.08	-0.02	0.09	-0.05
636	OE06C12	gigantea protein	0.00	0.04	0.21	0.34	0.03	0.06	0.06	0.44	0.35
637	OE06E02	histone H2B155	0.09	Flag	Flag	0.02	Flag	Flag	-0.01	0.08	Flag
638	OE06E04	Hypothetical protein [Schizosaccharomyces pombe]	0.05	0.07	0.08	0.17	0.03	-0.03	0.00	0.17	0.03
639	OE06E06	40S ribosomal protein S30	0.06	0.10	-0.04	0.07	0.06	-0.04	0.05	0.22	0.06
640	OE06E08	no hit no EST	-0.08	-0.15	-0.05	-0.05	0.01	-0.01	-0.02	-0.06	-0.15
641	OE06E10	reversibly glycosylated polypeptide	0.17	0.10	0.06	0.03	-0.03	-0.05	-0.02	0.17	0.04
642	OE06E12	PII protein [Ricinus communis]	0.08	-0.03	0.01	-0.07	-0.07	-0.04	-0.06	-0.01	-0.07
643	OE06G02	hypothetical protein [Arabidopsis](Z97335)	-0.09	-0.17	-0.10	-0.07	-0.03	0.05	0.02	-0.11	-0.21
644	OE06G04	vacuolar H ⁺ -ATPase c subunit	-0.07	-0.03	0.00	0.06	0.03	0.04	0.03	0.17	0.00
645	OE06G06	putative protein [Arabidopsis](AL035524)	0.02	0.23	0.11	0.06	0.11	-0.05	0.11	0.31	0.11
646	OE06G08	unknown protein [Arabidopsis](AC009895)	0.05	0.03	0.00	0.07	0.03	-0.04	-0.02	0.10	0.01
647	OE06G10	similar to synaptopodin [Homo sapiens]	0.06	0.01	0.05	0.02	-0.05	-0.04	0.00	0.08	-0.03
648	OE06G12	similar to methyltransferases	0.10	0.07	-0.12	-0.06	-0.07	-0.11	-0.02	-0.04	-0.07
649	OC04A02	phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)[2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase]	-0.04	-0.05	-0.10	0.00	0.05	0.05	-0.03	0.12	-0.04
650	OC04A04	hypothetical protein [Arabidopsis]F19H22.50	0.09	0.04	0.01	0.02	0.02	0.02	0.00	0.10	0.00
651	OC04A06	60S ribosomal protein L6 (YL 16 like)	0.00	-0.17	-0.06	-0.10	0.01	-0.04	-0.04	-0.24	-0.21

652	OC04A08	hypothetical (26S proteasome regulatory complex subunit p42A [Arabidopsis])	0.08	0.09	0.05	0.03	0.02	-0.07	-0.07	0.09	-0.02
653	OC04A10	60S ribosomal protein L36a.e, L41?, L44?	0.17	0.13	0.01	0.02	-0.11	-0.11	-0.04	0.11	0.07
654	OC04A12	60S ribosomal protein L6 mitochondrial, liverwort	0.06	0.12	0.03	0.03	0.02	-0.04	0.00	0.09	-0.01
655	OC04C02	translationally controlled tumor protein (TCTP) homolog - rice	0.02	0.08	-0.06	0.00	-0.11	0.02	0.05	0.05	0.00
656	OC04C04	no hit no EST	-0.10	-0.19	0.02	-0.05	-0.09	0.23	0.08	0.11	-0.13
657	OC04C06	sucrose synthase-1, identical to sus1 [Oryza sativa]	-0.04	-0.05	-0.22	-0.09	0.01	-0.11	-0.05	0.00	-0.19
658	OC04C08	not annotated	0.05	-0.05	-0.03	-0.03	-0.02	0.00	0.03	0.08	-0.13
659	OC04C10	Unknown protein, contains regulator of chromosome condensation motifs [Arabidopsis]	-0.05	-0.31	-0.08	-0.18	-0.06	-0.03	-0.03	-0.31	-0.38
660	OC04C12	ATP/ADP translocator [Oryza sativa] from EST	0.12	0.04	0.00	-0.12	-0.06	-0.08	-0.01	0.15	-0.03
661	OC04E02	hypothetical protein [Arabidopsis]T6K21.50	0.09	-0.08	0.03	-0.02	-0.01	-0.41	0.03	0.12	-0.07
662	OC04E04	unknown (membrane protein [Arabidopsis])	0.22	0.08	0.07	0.07	-0.09	-0.10	-0.06	0.07	0.08
663	OC04E06	40S ribosomal protein S11	0.05	0.00	-0.01	-0.06	-0.03	-0.05	-0.03	0.06	-0.02
664	OC04E08	similar to ezrin, villin 2	0.05	0.06	-0.02	0.01	-0.04	-0.02	-0.10	0.07	-0.05
665	OC04E10	13.8 kd ORF [Plasmid ColE1]	0.05	0.00	0.03	0.05	0.06	0.02	-0.03	0.21	-0.01
666	OC04E12	60S ribosomal protein L7A	0.09	-0.02	0.03	-0.07	-0.14	-0.21	-0.09	0.02	-0.01
667	OC04G02	formate dehydrogenase (EC 1.2.1.2) precursor, mitochondrial, from EST	0.02	-0.16	-0.03	-0.12	-0.07	-0.03	-0.10	0.05	-0.02
668	OC04G04	ubiquitin [Arabidopsis]	-0.06	0.00	0.01	0.00	0.19	0.12	0.14	0.06	-0.16
669	OC04G06	galactinol-raffinose galactosyltransferase [Vigna angularis], or seed imbibition protein [Hordeum vulgare]	-0.06	-0.28	0.03	0.00	0.08	0.07	0.05	-0.02	-0.11
670	OC04G08	unknown (similar to Kunitz/Bovine pancreatic trypsin inhibitor)	-0.07	-0.32	-0.05	-0.11	0.03	0.01	0.01	-0.10	-0.21
671	OC04G10	not annotated	0.03	-0.07	-0.11	-0.07	-0.06	-0.02	-0.03	0.18	-0.11
672	OC04G12	no hit rice EST	0.08	-0.04	0.03	0.03	-0.10	-0.02	0.03	0.13	-0.09
673	OC01A02	not annotated	0.04	0.03	-0.02	-0.02	0.04	0.02	0.02	0.07	-0.13
674	OC01A04	not annotated	0.50	0.25	0.10	-0.14	-0.21	Flag	-0.14	-0.06	-0.11
675	OC01A06	LP6(chitinase homolog lacking chitin binding site, chitinase)	0.09	0.03	-0.04	0.00	-0.09	-0.03	-0.03	0.06	-0.05
676	OC01A08	40S ribosomal protein S26	0.11	0.12	-0.02	0.06	-0.01	-0.04	-0.02	0.15	0.04
677	OC01A10	not annotated	0.15	0.13	0.03	0.01	0.01	-0.07	-0.06	0.10	0.01
678	OC01A12	unknown (GMFP4)	0.01	-0.01	-0.02	0.01	-0.04	0.00	-0.05	0.06	-0.10
679	OC01C02	elongation factor 1-beta - Rice	0.01	0.09	-0.08	0.06	0.00	0.01	-0.02	0.06	-0.02
680	OC01C04	no hit from EST	0.02	-0.07	0.03	-0.01	-0.03	0.05	0.03	-0.03	-0.09
681	OC01C06	triosephosphate isomerase (TRP-1)	-0.07	-0.08	-0.07	-0.02	0.13	0.10	0.00	0.07	-0.04
682	OC01C08	mitochondrial phosphate transporter	-0.01	-0.03	0.03	0.13	0.05	0.07	0.04	0.16	0.08
683	OC01C10	unknown (ADP-ribosylation factor 1 Oryza)	0.09	-0.09	0.02	-0.07	-0.03	0.00	0.00	-0.03	-0.14
684	OC01C12	subtilisin-chymotrypsin inhibitor 5	0.04	-0.15	0.12	-0.03	0.04	0.03	0.01	-0.22	-0.25
685	OC01E02	60S ribosomal protein L8	0.07	0.01	-0.03	0.00	0.05	-0.03	-0.01	0.04	-0.03
686	OC01E04	eukaryotic release factor 1 homolog	0.04	-0.01	-0.02	-0.01	-0.01	Flag	-0.02	0.06	-0.12
687	OC01E06	40S ribosomal protein S6	0.13	0.25	0.05	0.07	-0.01	-0.24	-0.02	0.09	-0.03
688	OC01E08	unknown (cytosolic glutamine synthetase)	0.03	-0.04	0.00	0.05	0.13	0.08	0.01	0.14	-0.04
689	OC01E10	metallothionein-like protein, MTe [Oryza sativa]	-0.05	-0.15	-0.05	-0.04	0.06	0.08	-0.01	0.09	-0.09
690	OC01E12	transport inhibitor response 1 from EST	0.02	0.05	0.00	-0.02	-0.06	0.01	-0.02	0.07	-0.09
691	OC01G02	soluble inorganic pyrophosphatase	-0.10	-0.14	-0.01	-0.11	0.00	-0.02	-0.07	-0.19	-0.23
692	OC01G04	multicatalytic endopeptidase complex, proteasome precursor, beta subunit	0.01	0.04	0.01	-0.02	0.00	-0.02	0.02	0.07	-0.03
693	OC01G06	not annotated	0.03	0.06	0.00	0.02	-0.01	-0.03	0.03	0.12	0.02
694	OC01G08	40S ribosomal protein S31	0.03	0.01	-0.01	0.04	-0.10	0.01	0.00	0.12	-0.03
695	OC01G10	actin (X16280-rice)	0.13	-0.01	-0.01	-0.10	-0.18	-0.14	-0.04	0.03	-0.11
696	OC01G12	putative protein [Arabidopsis](AL049480)	0.03	-0.07	-0.06	0.00	-0.04	-0.05	-0.03	0.11	-0.07
697	OE202A02	similar to hypothetical protein (Z74030) [Oryza sativa]	0.03	-0.08	0.00	-0.02	0.02	0.01	0.01	0.05	-0.12
698	OE202A04	unknown (PROLACTIN RECEPTOR PRECURSOR (PRL-R) (CPRLP))	0.02	0.02	0.04	0.03	-0.06	-0.03	-0.02	0.11	-0.08
699	OE202A06	unknown (CG12047 gene product [Drosophila melanogaster])	-0.04	-0.19	-0.06	-0.14	-0.01	-0.06	-0.03	-0.21	-0.29

700	OE202A08	similar to dopamine D1B receptor [Anguilla anguilla]	0.02	0.18	-0.11	0.12	-0.01	-0.03	-0.07	0.08	-0.05
701	OE202A10	no hit rice EST	0.03	0.05	-0.04	0.00	-0.07	-0.05	-0.05	0.05	-0.13
702	OE202A12	putative disease resistance response protein	-0.03	-0.08	0.05	0.03	0.09	0.00	0.00	0.06	-0.03
703	OE202C02	hexose transporter	0.03	-0.06	-0.06	-0.05	0.00	-0.03	-0.07	-0.07	-0.12
704	OE202C04	unknown (sedlin [Human])	-0.07	-0.17	-0.03	-0.10	-0.07	-0.05	-0.02	-0.14	-0.23
705	OE202C06	no hit no EST	0.04	0.02	0.01	0.09	-0.09	-0.12	-0.02	0.10	-0.08
706	OE202C08	cytochrome b5-(rice X75670.1)	-0.09	-0.41	0.03	-0.19	-0.01	0.05	-0.01	-0.19	-0.24
707	OE202C10	cytochrome P450 51 (CYPL1) (P450-L1A1) (obtusifoliol 14-alpha demethylase CYP51 - sorghum)	0.06	-0.07	0.11	-0.01	-0.10	-0.12	-0.02	0.16	-0.05
708	OE202C12	similar to amino peptidase, 33/62 (53%) to E coli	-0.08	-0.41	-0.12	-0.19	-0.01	-0.05	-0.03	-0.29	-0.35
709	OE202E02	not annotated	0.05	-0.05	0.05	0.11	-0.02	-0.03	0.05	0.13	-0.05
710	OE202E04	ascorbate peroxidase, cytosolic (D45423 short)	0.01	-0.09	0.07	0.01	0.13	0.00	-0.01	0.02	-0.12
711	OE202E06	unknown (A kinase (PRKA) anchor protein 2 [Human])	0.09	0.03	-0.02	-0.06	-0.07	-0.09	-0.05	0.03	-0.09
712	OE202E08	ferredoxin [2Fe-2S] 3 - maize	0.02	0.13	0.02	0.14	0.13	0.02	0.04	0.25	0.13
713	OE202E10	Similar to yeast general negative regulator of transcription subunit 1 [Arabidopsis]	0.00	0.02	-0.03	-0.01	-0.01	-0.02	-0.04	0.06	-0.08
714	OE202E12	enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolyase)	-0.08	0.05	-0.10	0.07	0.23	0.09	-0.13	0.13	-0.03
715	OE202G02	ADP-ribosylation factor 1 [Oryza sativa]	0.05	0.09	0.03	0.03	-0.04	0.00	-0.02	0.08	0.00
716	OE202G04	no hit no EST	0.02	0.05	0.01	0.03	0.09	0.04	-0.08	0.13	-0.06
717	OE202G06	no hit rice EST	-0.04	-0.06	-0.02	0.03	-0.08	0.00	0.01	0.05	-0.06
718	OE202G08	histone H2B	0.03	0.03	0.03	0.03	-0.02	0.01	0.00	0.11	-0.09
719	OE202G10	unknown (DNA polymerase [bovine adenovirus 3])	-0.05	-0.37	-0.06	-0.16	-0.03	-0.06	-0.02	-0.17	-0.29
720	OE202G12	not annotated	0.08	-0.05	0.06	0.01	-0.15	-0.04	0.00	0.13	-0.04
721	OE05A02	RNA-binding protein homolog [Brassica napus] (AF094825)	0.03	-0.34	0.00	0.03	0.00	0.03	-0.02	0.12	-0.13
722	OE05A04	26S proteasome subunit 10	0.04	-0.15	0.03	0.05	-0.02	-0.01	-0.04	0.03	-0.03
723	OE05A06	unknown protein [Arabidopsis](AL035709)	0.04	-0.13	0.06	-0.09	-0.13	-0.07	0.00	-0.05	-0.10
724	OE05A08	protein translocation complex sec61 gamma chain from EST	0.05	-0.01	0.06	0.06	0.09	0.02	0.00	0.14	0.00
725	OE05A10	no hit from riceEST	0.02	-0.14	-0.08	-0.11	-0.17	-0.07	-0.04	-0.09	-0.17
726	OE05A12	unknown protein [Arabidopsis](AC010796)	-0.02	-0.06	0.01	0.09	0.11	0.09	-0.02	0.09	-0.08
727	OE05C02	GTP-binding protein alpha subunit	0.00	-0.17	0.02	-0.05	-0.04	-0.02	-0.07	-0.08	-0.15
728	OE05C04	no hit no EST	-0.05	-0.20	-0.10	-0.10	0.00	-0.03	-0.10	-0.24	-0.24
729	OE05C06	sucrose synthase-1, identical to sus1 [Oryza sativa]	-0.02	0.00	-0.20	-0.02	0.06	-0.07	-0.11	-0.06	-0.14
730	OE05C08	unknown (chloroplast channel forming outer membrane protein) from EST	0.04	0.00	-0.01	0.06	-0.05	-0.02	-0.01	0.08	-0.15
731	OE05C10	no hit no EST	0.05	-0.08	0.03	-0.05	-0.07	0.05	0.00	0.03	-0.14
732	OE05C12	no hit no EST	0.01	-0.18	0.03	-0.06	-0.08	-0.03	0.00	-0.03	-0.19
733	OE05E02	putative glycosylation enzyme, Arabidopsis	-0.05	-0.54	-0.08	-0.15	-0.01	-0.02	-0.05	-0.15	-0.26
734	OE05E04	no hit no EST	-0.08	-0.49	0.07	-0.14	-0.06	0.01	-0.03	-0.09	-0.22
735	OE05E06	no hit no EST	0.00	-0.04	-0.02	0.01	-0.01	0.08	0.06	0.11	-0.02
736	OE05E08	Argonaute protein	0.01	0.00	-0.11	-0.07	0.02	-0.04	-0.07	-0.06	-0.24
737	OE05E10	40S ribosomal protein S5	Flag	0.10	-0.01	0.00	-0.16	0.00	-0.09	-0.04	-0.14
738	OE05E12	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.06	0.13	-0.04	-0.04	-0.07	-0.07	-0.07	0.06	-0.06
739	OE05G02	40S ribosomal protein S21	0.08	0.14	-0.01	0.01	-0.02	-0.01	-0.05	0.09	-0.01
740	OE05G04	similar to mucin [Homo sapiens]	Flag	Flag	0.00	-0.03	Flag	0.03	-0.08	0.01	-0.09
741	OE05G06	B' regulatory subunit of PP2A, Arabi	0.02	0.10	-0.03	-0.09	-0.11	-0.03	-0.03	-0.05	-0.11
742	OE05G08	no hit no EST	0.01	-0.17	-0.03	0.03	-0.03	0.07	0.02	0.03	-0.06
743	OE05G10	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.13	0.24	0.00	0.11	-0.02	-0.02	0.02	0.09	-0.03
744	OE05G12	unknown (23kDa polypeptide of photosystem II)	0.06	-0.04	-0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.11	-0.11
745	OE04A02	unknown (CG3599 gene product [Drosophila melanogaster])	0.12	-0.10	0.01	-0.05	-0.03	-0.08	-0.03	-0.01	-0.08
746	OE04A04	TMK (gibberellin-induced receptor-like kinase)	0.08	-0.39	-0.10	0.01	-0.06	-0.07	0.02	0.05	-0.11
747	OE04A06	unknown (NADH dehydrogenase subunit 5 [Ohomopterus yamato])	-0.08	Flag	-0.37	Flag	-0.01	0.12	0.05	Flag	-0.14
748	OE04A08	unknown protein [Arabidopsis](AC004747)	0.09	0.08	0.29	0.21	0.10	-0.01	0.05	0.51	0.08
749	OE04A10	unknown (MMSET type II [Homo sapiens])	0.05	-0.06	-0.03	-0.01	0.03	-0.01	0.00	0.03	-0.09

750	OE04A12	unknown (M1 protein [Drosophila melanogaster])	0.18	0.06	-0.06	-0.24	-0.12	-0.04	-0.07	-0.28	-0.31
751	OE04C02	similar to hypothetical protein T22A3.8 - Caenorhabditis elegans (fragment)	0.09	0.09	0.02	0.03	0.03	-0.02	-0.07	0.15	-0.01
752	OE04C04	Nramp1 protein(novel macrophage-specific membrane protein)	-0.03	0.00	-0.07	-0.05	-0.20	0.03	-0.03	0.00	-0.05
753	OE04C06	60S ribosomal protein L29	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
754	OE04C08	unknown (LEF-3=AcMNPV orf67 [Bombyx mori nuclear polyhedrosis])	-0.11	-0.49	-0.20	-0.36	-0.02	-0.07	-0.08	-0.48	-0.46
755	OE04C10	serine/threonine protein kinase	0.04	0.00	0.00	0.00	0.01	-0.02	0.01	0.01	-0.12
756	OE04C12	hypothetical protein [Cicer arietinum](AJ131049)	-0.07	-0.14	-0.15	-0.03	-0.05	0.12	-0.07	-0.03	-0.13
757	OE04E02	60S ribosomal protein L32	0.17	0.06	0.00	0.02	-0.04	-0.15	-0.01	0.00	-0.04
758	OE04E04	Translocon associated protein, alpha subunit	0.09	-0.27	0.06	0.05	-0.06	0.02	-0.03	0.18	0.02
759	OE04E06	enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolyase)	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
760	OE04E08	dihydroxypolyprenylbenzoate methyltransferase	-0.01	-0.11	-0.04	-0.08	-0.02	0.00	-0.07	-0.08	-0.15
761	OE04E10	unknown (Ammonia transport protein)	0.05	-0.04	0.01	0.00	-0.08	-0.02	-0.05	0.05	0.02
762	OE04E12	unknown (3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA reductase 2)	0.04	0.07	0.06	0.04	0.05	-0.01	-0.02	0.20	-0.04
763	OE04G02	histone H6	0.02	0.00	-0.01	-0.04	0.10	0.06	0.05	0.10	-0.08
764	OE04G04	unknown (terminal ear1 [Zea mays])	-0.06	-0.19	-0.07	-0.12	0.03	0.02	-0.03	-0.15	-0.21
765	OE04G06	unknown protein [Streptococcus pneumoniae](AB000673)	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
766	OE04G08	ubiquinol-cytochrome c reductase	-0.01	-0.06	0.03	0.01	-0.11	0.00	0.00	0.10	-0.04
767	OE04G10	not annotated	-0.02	-0.11	0.04	0.07	0.07	0.09	0.06	0.15	-0.04
768	OE04G12	not annotated	0.04	Flag	-0.04	0.08	0.03	-0.03	0.02	0.06	-0.10
769	OC02A02	phospholipase A2 activating protein	0.04	-0.02	0.01	0.10	0.05	0.00	-0.01	0.05	-0.07
770	OC02A04	unknown protein [oryza](AP000399)	0.03	-0.09	-0.05	0.05	0.03	0.00	-0.07	0.05	-0.09
771	OC02A06	not annotated	0.08	0.12	0.01	0.02	0.03	-0.08	-0.03	0.04	-0.05
772	OC02A08	putative senescence-associated rhodanese protein [Arabidopsis]	0.06	-0.13	-0.02	-0.11	Flag	0.00	0.12	0.21	0.02
773	OC02A10	60S ribosomal protein L28	0.08	0.15	0.01	0.06	0.01	-0.01	-0.02	0.11	-0.01
774	OC02A12	not annotated	-0.11	-0.20	-0.20	-0.12	-0.04	0.16	-0.03	0.18	-0.20
775	OC02C02	protein kinase G11A Oryza	0.05	-0.06	-0.03	-0.05	-0.03	-0.06	-0.10	-0.01	-0.09
776	OC02C04	histone H2A	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
777	OC02C06	no hit no EST	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
778	OC02C08	protein kinase 6 like protein	-0.02	0.10	-0.13	-0.10	-0.03	-0.07	-0.01	-0.04	-0.24
779	OC02C10	no hit from EST	-0.03	-0.15	0.01	0.08	0.12	0.12	0.02	0.09	-0.02
780	OC02C12	40S ribosomal protein S20	0.10	0.17	0.00	0.09	0.00	-0.02	-0.01	0.09	-0.05
781	OC02E02	putative integral membrane protein	0.15	0.12	0.10	0.12	-0.15	-0.08	-0.05	0.23	0.09
782	OC02E04	similar to drought-induced protein Di19 [Arabidopsis]	0.03	-0.10	0.05	0.03	-0.08	0.01	-0.04	0.09	-0.10
783	OC02E06	homolog of cytochrom B	-0.02	-0.10	-0.01	-0.04	0.08	0.12	0.00	0.10	-0.06
784	OC02E08	no hit from EST	0.06	-0.05	0.06	-0.03	-0.05	-0.06	-0.05	0.03	-0.08
785	OC02E10	inositol-1,4,5-trisphosphate 5-Phosphatase	Flag	Flag	-0.03	0.03	-0.10	-0.01	-0.10	0.03	-0.08
786	OC02E12	hypothetical protein G2484-1	0.01	-0.02	-0.07	0.03	-0.06	-0.01	-0.09	-0.04	-0.11
787	OC02G02	putative cytochrome P-450 [Arabidopsis]	0.03	-0.06	-0.01	-0.14	-0.11	-0.06	-0.03	-0.21	-0.21
788	OC02G04	mitochondrial processing peptidase alpha-II	0.02	0.05	0.00	0.00	-0.04	-0.03	-0.12	0.09	-0.05
789	OC02G06	putative protein [Arabidopsis](AL021636)	0.03	0.13	0.05	0.05	0.01	0.02	-0.06	0.13	-0.05
790	OC02G08	expressed in human embryonic lung	0.00	0.02	-0.02	0.01	0.03	0.01	-0.11	0.06	-0.02
791	OC02G10	phosphatase 2A regulatory A subunit	0.03	0.00	0.00	0.07	-0.10	-0.05	-0.02	0.05	-0.07
792	OC02G12	putative initiator tRNA phosphoribosyl-transferase	-0.09	Flag	-0.02	-0.09	-0.05	Flag	0.05	0.06	-0.05
793	OC05A02	phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)	0.06	-0.07	0.09	0.09	0.04	0.06	0.07	0.12	-0.01
794	OC05A04	hypothetical protein [Arabidopsis]F19H22.50	Flag	0.03	0.03	0.01	-0.09	0.01	0.00	0.10	-0.06
795	OC05A06	hypothetical protein [Synechocystis](D64004)	-0.04	-0.16	-0.05	-0.02	-0.09	0.04	0.00	0.01	-0.12
796	OC05A08	hypothetical protein C-84 - Escherichia coli	Flag	-0.05	0.01	0.04	0.00	-0.02	-0.02	0.06	-0.07
797	OC05A10	unknown (beta-C integrin subunit [Lytechinus variegatus])	0.11	0.11	-0.05	0.01	0.03	0.00	-0.07	0.06	-0.07
798	OC05A12	heat shock protein 90	0.02	0.03	0.02	0.13	0.05	0.05	-0.06	0.10	0.05
799	OC05C02	voltage-dependent anion channel protein 2 [Zea mays]	0.04	-0.02	-0.03	0.02	0.00	-0.01	-0.07	0.02	0.01
800	OC05C04	unknown (CGI-29 protein [Homo sapiens])	0.02	-0.03	0.00	0.00	0.04	0.00	-0.03	0.05	-0.08

801	OC05C06	calmodulin (CaM2)	-0.01	-0.02	0.01	0.04	0.04	0.00	0.00	0.08	0.00
802	OC05C08	high mobility group protein HMGC2 - maize	0.03	-0.02	0.00	0.07	0.01	0.02	-0.03	0.07	-0.03
803	OC05C10	hypothetical protein (AP001859)	-0.01	0.02	0.02	-0.04	0.00	0.03	0.00	0.00	-0.17
804	OC05C12	CAULIFLOWER [Arabidopsis]	-0.05	-0.10	-0.05	-0.04	-0.03	0.07	0.02	0.06	-0.08
805	OC05E02	translocase of inner mitochondrial membrane 9 (yeast)	0.01	-0.10	-0.09	-0.06	-0.02	-0.04	0.00	-0.08	-0.12
806	OC05E04	unknown (NADPH--ferrihemoprotein reductase (EC 1.6.2.4) - spring vetch)	0.13	-0.09	-0.16	-0.09	-0.07	0.06	-0.02	0.11	-0.08
807	OC05E06	40S ribosomal protein S19 or S24	0.08	0.13	-0.08	0.05	0.02	0.03	0.01	0.11	-0.02
808	OC05E08	membrane associated protein SLP-2 [Homo sapiens]	0.06	-0.14	0.01	-0.12	-0.01	-0.01	-0.03	-0.12	-0.20
809	OC05E10	hypothetical protein [Arabidopsis](AC013289)	0.01	-0.11	-0.11	-0.21	-0.06	-0.05	0.00	-0.23	-0.28
810	OC05E12	hypothetical protein [Arabidopsis]F6E13.10	-0.07	-0.01	-0.14	-0.08	0.02	0.10	-0.03	0.08	-0.09
811	OC05G02	cold-regulated protein 2 - barley	-0.13	-0.04	-0.05	0.04	0.08	0.02	-0.06	0.05	-0.12
812	OC05G04	formate dehydrogenase, Nad-dependent [Hordeum vulgare]	0.04	-0.19	Flag	-0.11	-0.03	-0.04	-0.19	0.05	-0.02
813	OC05G06	Similar to Oryza sativa bZIP transcriptional activator RF2a	0.00	-0.16	-0.03	-0.04	0.03	0.01	-0.03	-0.26	Flag
814	OC05G08	not annotated	0.03	0.05	-0.05	0.05	0.08	0.05	-0.04	0.02	-0.09
815	OC05G10	unknown (similar to human transcription factor TFIIIS (S34159))	0.03	0.06	-0.11	0.04	0.02	0.02	-0.07	-0.05	-0.06
816	OC05G12	60S ribosomal protein L27a	0.16	0.16	0.02	0.10	-0.02	-0.05	0.02	0.09	0.02
817	OE201A02	hypothetical protein [Arabidopsis](AC016972)	-0.11	-0.30	-0.37	-0.48	-0.19	-0.14	-0.10	-0.46	-0.46
818	OE201A04	fibrillarlin [Homo sapiens]	0.17	0.20	-0.03	0.08	0.00	-0.07	0.01	0.03	0.01
819	OE201A06	hypothetical protein [Arabidopsis]T17F15.100	0.02	-0.06	-0.02	0.06	0.10	0.10	0.04	0.07	-0.07
820	OE201A08	no hit rice EST	0.20	0.06	0.16	-0.14	-0.19	-0.11	-0.10	-0.42	-0.39
821	OE201A10	glutathione S-transferase II [Oryza sativa]	0.16	-0.08	0.09	-0.12	-0.10	-0.07	-0.11	-0.01	0.00
822	OE201A12	60S acidic ribosomal protein P3a from EST	0.06	0.08	-0.03	0.03	0.02	-0.02	-0.02	0.11	0.01
823	OE201C02	signal recognition particle receptor - human, docking protein	0.05	0.11	0.12	0.02	0.06	0.02	0.13	0.13	-0.13
824	OE201C04	40S ribosomal protein S19	0.10	0.16	-0.02	0.08	0.03	-0.05	-0.05	0.09	0.03
825	OE201C06	ERO1(Yeast)-like protein [Homo sapiens]	0.06	0.09	-0.02	0.03	0.02	-0.02	-0.02	0.22	0.02
826	OE201C08	auxin transport protein EIR1 [Arabidopsis]	0.05	0.02	-0.02	0.03	0.00	-0.03	-0.03	0.05	-0.09
827	OE201C10	unknown (beta-adaptin-like protein A [Arabidopsis])	0.05	0.08	0.06	0.05	0.00	0.00	-0.03	0.16	-0.07
828	OE201C12	heat shock protein 82 (HSP82)	-0.04	0.02	-0.14	-0.03	-0.04	0.10	0.06	0.05	-0.14
829	OE201E02	DNA-directed RNA polymerase (EC 2.7.7.6) II 35.5K chain A - Arabidopsis thaliana	0.06	-0.05	-0.03	0.03	0.04	0.02	0.01	0.00	-0.08
830	OE201E04	cyclophilin-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase [Halobacterium cutirubrum]	0.00	-0.07	-0.05	0.05	0.03	0.03	0.02	0.09	-0.04
831	OE201E06	malate dehydrogenase (EC 1.1.1.-), cytosolic - maize	0.10	0.00	-0.06	-0.15	-0.06	-0.05	-0.08	-0.07	-0.10
832	OE201E08	methylenetetrahydrofolate reductase [Zea mays]	0.06	-0.15	0.02	-0.18	-0.01	-0.05	-0.03	-0.21	-0.22
833	OE201E10	cytochrome P450 monooxygenase [Mus musculus]	0.08	0.01	0.03	0.01	-0.04	-0.03	0.00	0.01	-0.11
834	OE201E12	unknown (thrombin receptor [Rattus norvegicus])	0.03	-0.02	-0.05	0.07	0.05	0.01	-0.05	0.07	-0.10
835	OE201G02	no hit rice EST	-0.06	-0.28	-0.03	-0.06	0.02	0.00	-0.04	-0.36	-0.38
836	OE201G04	probable transcription silencing protein - fission yeast	0.00	-0.09	-0.01	-0.01	0.05	-0.02	-0.04	-0.08	-0.19
837	OE201G06	pyruvate kinase-like protein [Arabidopsis]	0.07	0.07	-0.01	0.01	-0.06	-0.04	-0.06	0.05	-0.04
838	OE201G08	enolase-phosphatase E-1	0.15	-0.09	-0.02	-0.20	-0.14	-0.08	-0.21	-0.02	-0.09
839	OE201G10	homologous to a-adaptin A and C	-0.09	-0.19	-0.02	-0.06	0.03	0.13	-0.04	0.06	-0.17
840	OE201G12	Osr40g2 [Oryza sativa]	0.06	-0.05	0.20	0.17	0.22	0.05	-0.03	0.21	0.15
841	OC03A02	phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)[2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase]	-0.10	-0.06	-0.12	0.07	0.09	0.10	0.00	0.17	0.03
842	OC03A04	hypothetical protein [Arabidopsis]F19H22.50	0.01	0.01	-0.01	0.10	0.07	0.09	0.03	0.12	-0.05
843	OC03A06	60S ribosomal protein L6 (YL 16 like)	-0.02	-0.29	-0.04	-0.14	0.01	-0.05	0.00	-0.32	-0.29
844	OC03A08	unknown (homology with water channel protein)	0.06	0.04	0.03	0.03	0.02	0.01	0.01	0.08	-0.06
845	OC03A10	40S ribosomal protein S26 or S31	0.14	0.13	-0.02	-0.01	-0.06	-0.09	0.00	0.00	0.01

846	OC03A12	hypothetical protein (clone NF22) - common tobacco	-0.03	-0.07	-0.04	0.03	-0.02	0.05	0.03	0.10	-0.09
847	OC03C02	no hit no EST	-0.03	-0.33	-0.14	-0.27	-0.06	0.00	-0.04	-0.36	-0.38
848	OC03C04	calmodulin (CaM2)	0.03	-0.07	-0.03	-0.05	-0.02	-0.05	-0.01	-0.05	-0.05
849	OC03C06	no hit rice EST	0.14	-0.12	0.03	-0.14	-0.36	-0.11	-0.06	0.02	-0.10
850	OC03C08	transcription factor HD-ZIP - Arabidopsis	0.11	0.04	-0.07	-0.02	-0.03	-0.05	-0.15	0.04	-0.14
851	OC03C10	high mobility group protein HMGd1 - maize	0.09	0.05	-0.17	-0.28	-0.15	-0.23	-0.11	-0.24	-0.39
852	OC03C12	hypothetical protein MJ1472 - Methanococcus jannaschii	0.04	0.03	0.02	0.00	-0.05	-0.01	-0.08	0.06	-0.08
853	OC03E02	unknown protein [Arabidopsis](AC016661)	0.05	0.01	0.00	0.01	-0.05	-0.01	0.07	0.12	-0.01
854	OC03E04	hypothetical protein K11H12.1 - Caenorhabditis elegans	-0.01	-0.08	-0.11	0.00	0.08	0.04	0.01	-0.08	-0.13
855	OC03E06	NADPH--ferrihemoprotein reductase (EC 1.6.2.4) - California poppy	-0.03	-0.12	-0.05	0.03	0.12	0.13	-0.02	0.20	-0.10
856	OC03E08	not annotated	0.03	0.09	0.02	0.09	0.02	0.06	-0.02	0.12	-0.15
857	OC03E10	histone H2B	0.17	0.11	0.01	-0.09	-0.11	-0.09	-0.01	0.00	-0.12
858	OC03E12	60S ribosomal protein L22 putative	0.11	0.13	Flag	0.03	-0.09	-0.06	Flag	Flag	Flag
859	OC03G02	hypothetical protein SPAC6F6.09 - fission yeast, from EST	-0.02	0.02	-0.15	-0.05	-0.03	-0.06	-0.09	-0.10	-0.17
860	OC03G04	unknown (nucleoprotein - infectious hematopoietic necrosis virus)	0.08	0.01	-0.05	-0.01	-0.01	0.00	-0.06	-0.05	-0.11
861	OC03G06	putative transposase [Arabidopsis]	0.02	0.05	0.02	-0.02	-0.04	-0.02	-0.05	0.00	-0.09
862	OC03G08	60S ribosomal protein L39	0.10	0.01	-0.05	-0.06	-0.08	-0.10	-0.18	-0.07	-0.07
863	OC03G10	methionine aminopeptidase; eIF-2-associated p67	0.02	-0.02	-0.09	0.03	0.06	0.03	-0.05	0.05	-0.09
864	OC03G12	60S acidic ribosomal protein P1a	0.00	-0.01	-0.03	-0.03	0.02	0.02	0.00	0.06	-0.08
865	OC103B01	spermidine synthase 2 [Pisum sativum]	-0.12	-0.01	-0.01	0.14	0.18	0.18	-0.02	0.12	-0.10
866	OC103B03	calmodulin (CaM1)	0.03	0.13	0.26	0.26	0.14	0.00	0.23	0.34	0.18
867	OC103B05	similar to secreted glycoprotein gX - suid herpesvirus 1	-0.05	0.03	0.00	0.08	0.02	0.03	0.00	0.05	-0.10
868	OC103B07	enolase (2-phospho-D-glycerate hydroxylase)	-0.11	0.01	-0.10	-0.02	0.15	0.08	-0.14	0.05	-0.09
869	OC103B09	no hit no EST	0.03	0.00	0.06	0.09	0.08	0.01	-0.03	0.05	-0.04
870	OC103B11	not annotated	0.06	0.16	0.06	0.14	0.05	-0.03	0.09	0.11	0.06
871	OC103D01	Nt-iaa28 deduced protein [Nicotiana tabacum]	0.06	0.16	0.25	0.11	0.01	0.00	0.10	0.29	0.09
872	OC103D03	histone H2A	0.08	0.10	0.00	-0.04	-0.02	-0.02	0.03	0.05	-0.05
873	OC103D05	hypothetical protein 1028 - slime mold	0.06	0.03	0.12	0.13	0.19	0.00	-0.01	0.10	0.06
874	OC103D07	not annotated	0.11	0.10	0.03	0.05	-0.03	-0.15	0.02	0.01	0.07
875	OC103D09	40S ribosomal protein S4	0.18	0.22	0.09	0.10	-0.02	-0.11	0.00	0.11	0.13
876	OC103D11	60S ribosomal protein L37A	0.11	0.16	0.00	0.06	0.01	-0.09	0.03	0.05	0.13
877	OC103F01	similar to hypothetical protein [Oryza sativa]	0.01	-0.05	-0.02	-0.12	-0.08	-0.02	-0.01	-0.24	-0.12
878	OC103F03	heat shock protein 82 (HSP82)	-0.09	0.04	-0.17	0.01	0.01	0.10	0.01	0.00	-0.27
879	OC103F05	hypothetical protein [Arabidopsis]T22A6.120	-0.06	-0.06	-0.05	0.00	0.03	0.03	0.02	-0.19	-0.32
880	OC103F07	heat shock protein 70	-0.27	0.02	-0.25	-0.07	-0.10	0.15	0.06	0.04	-0.14
881	OC103F09	DNA-directed RNA polymerase (EC 2.7.7.6) I second largest chain - rat	-0.05	-0.07	-0.10	-0.07	0.02	0.00	-0.04	-0.36	-0.36
882	OC103F11	60S ribosomal protein L14	0.10	0.17	-0.02	0.12	-0.07	-0.12	-0.04	0.03	0.08
883	OC103H01	60S ribosomal protein L13A	0.08	0.14	0.03	0.08	0.02	-0.06	-0.02	0.06	0.06
884	OC103H03	ubiquitin / ribosomal protein CEP52 - rice	0.00	0.03	-0.06	-0.04	0.06	-0.01	0.07	0.02	-0.08
885	OC103H05	60S acidic ribosomal protein PO	0.00	0.10	-0.03	-0.06	-0.03	-0.07	-0.04	-0.14	-0.05
886	OC103H07	similar to 60S ribosomal protein L37 L33B (L37B) (L37A) (YL37) (RP47) - yeast	0.08	0.17	-0.03	0.03	-0.05	-0.04	0.02	0.03	0.11
887	OC103H09	ubiquitin / ribosomal protein S27a.1 - barley	0.02	0.10	0.01	0.03	0.05	0.01	0.12	0.11	0.05
888	OC103H11	40S ribosomal protein S26	0.14	0.20	0.01	0.06	-0.03	-0.09	0.02	0.01	0.19
889	OC102B01	alpha2-tubulin [Zea mays]	0.08	0.02	-0.05	-0.18	-0.14	-0.30	-0.09	0.04	0.01
890	OC102B03	unknown (putative mitochondrial inner membrane translocating protein [Arabidopsis])	-0.05	0.05	-0.06	0.06	0.06	-0.01	-0.03	Flag	Flag
891	OC102B05	60S ribosomal protein L19	0.10	0.23	0.00	0.13	0.01	-0.11	-0.04	0.02	-0.05
892	OC102B07	hypothetical protein [Arabidopsis]F17M5.10	-0.08	0.05	-0.07	0.01	0.00	0.00	-0.03	-0.14	-0.12
893	OC102B09	60S ribosomal protein L4 (L1)	0.01	0.15	-0.05	0.02	-0.03	-0.08	-0.06	-0.08	-0.05
894	OC102B11	14-3-3 protein - rice	-0.01	0.03	0.11	0.16	0.03	0.03	0.06	0.26	0.10
895	OC102D01	not annotated	0.03	-0.02	0.13	0.21	0.22	0.03	-0.01	0.16	0.09
896	OC102D03	unknown (Pib [Oryza sativa] Homolog)	-0.10	-0.06	-0.19	0.01	0.06	0.08	0.04	0.07	-0.06
897	OC102D05	60S ribosomal protein L37	0.09	0.21	0.01	0.06	-0.04	-0.05	0.00	0.07	0.11

898	OC102D07	RCc3 protein - rice, (ZmGR1b [Zea mays] Gibberellin-responsive genes, pEARLI 1like gene product, extensin, etc)	0.12	0.09	0.24	0.16	0.04	0.00	0.06	0.22	0.25
899	OC102D09	not annotated	0.04	0.09	0.01	0.08	0.04	-0.02	0.06	0.05	0.08
900	OC102D11	poly(A)-binding protein	0.07	0.19	0.02	0.09	-0.02	-0.05	-0.04	0.12	0.08
901	OC102F01	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.09	0.08	-0.05	-0.17	-0.15	-0.27	-0.08	0.00	0.05
902	OC102F03	unknown protein [Prunus armeniaca](AF139499) contig ID168	-0.22	-0.07	-0.29	-0.11	-0.11	0.03	-0.03	-0.07	-0.25
903	OC102F05	similar to F17L21.12 [Arabidopsis]	-0.07	-0.10	-0.04	0.01	0.02	0.09	0.01	-0.28	-0.23
904	OC102F07	polyubiquitin [Capsicum chinense]	-0.18	0.02	-0.08	0.01	0.20	0.12	0.18	0.06	-0.27
905	OC102F09	60S ribosomal protein L38	0.09	0.15	-0.01	0.06	0.00	-0.06	0.00	0.05	0.00
906	OC102F11	60S ribosomal protein L3	0.10	0.17	0.01	0.08	0.04	-0.08	-0.02	0.03	0.05
907	OC102H01	not annotated	0.11	0.01	-0.09	0.01	-0.06	0.02	-0.17	-0.26	-0.16
908	OC102H03	putative protein [Arabidopsis](AL162751)	-0.02	0.01	-0.02	0.09	0.06	0.09	0.03	0.00	-0.05
909	OC102H05	60S ribosomal protein L19	0.08	0.13	0.00	0.05	-0.05	-0.06	-0.02	-0.02	0.02
910	OC102H07	phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3), cytosolic type	-0.04	-0.05	-0.04	-0.03	0.11	0.00	0.00	Flag	Flag
911	OC102H09	similar to metallothionein-like protein - rice	0.06	-0.03	-0.07	-0.04	-0.02	0.03	-0.08	-0.33	-0.14
912	OC102H11	60S ribosomal protein L38	0.13	0.18	0.05	0.09	-0.03	-0.08	0.04	0.03	0.15
913	OD102B01	w-3 fatty acid desaturase [Oryza sativa]	-0.03	0.00	-0.01	-0.11	0.01	-0.07	0.01	-0.35	-0.21
914	OD102B03	hypothetical protein [Arabidopsis](AC005700)	-0.06	-0.06	-0.03	0.00	0.00	-0.03	-0.04	-0.24	-0.15
915	OD102B05	Glutamate Synthase-NADH dependent	-0.14	-0.08	-0.06	0.01	0.02	0.11	0.00	0.01	Flag
916	OD102B07	hypothetical protein [Arabidopsis](AC005700)	-0.02	0.00	-0.06	0.03	0.03	0.00	-0.08	-0.15	-0.23
917	OD102B09	not annotated	-0.03	-0.04	-0.07	-0.03	0.01	-0.02	-0.10	-0.24	-0.22
918	OD102B11	60S ribosomal protein L7	0.08	0.10	0.00	0.07	0.04	-0.02	-0.03	-0.01	-0.02
919	OD102D01	unknown protein [Arabidopsis](AC016661)	-0.04	-0.10	-0.04	-0.02	-0.07	-0.03	-0.03	-0.19	-0.17
920	OD102D03	putative protein [Arabidopsis](AL132968)	-0.05	-0.04	0.04	0.00	Flag	-0.01	0.00	-0.17	-0.12
921	OD102D05	isocitrate dehydrogenase, NADP-specific	0.05	0.10	0.08	0.10	-0.03	0.01	0.00	0.12	0.03
922	OD102D07	hypothetical protein C0485w - Plasmodium falciparum	0.04	0.07	0.05	0.08	-0.01	0.03	-0.02	0.01	-0.01
923	OD102D09	putative RNA-binding protein [Arabidopsis]	0.06	0.02	0.06	0.02	0.05	0.04	0.00	0.02	-0.13
924	OD102D11	Argonaute protein [Arabidopsis]	0.06	0.09	0.00	0.00	-0.02	-0.04	-0.02	0.03	-0.12
925	OD102F01	unknown protein [Zea mays](AF124736)	-0.02	-0.08	-0.02	-0.06	-0.03	-0.02	-0.05	-0.23	-0.07
926	OD102F03	elongation factor eEF-2 - beet	0.00	0.16	0.06	0.18	0.07	0.03	0.01	0.13	0.11
927	OD102F05	similar to sodium-dependent transporter [Bacillus subtilis]	-0.15	-0.12	-0.10	-0.12	0.02	0.00	-0.05	-0.60	Flag
928	OD102F07	unknown (Similar to Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F1913) [Oryza sativa]	0.00	0.04	-0.04	0.03	0.01	0.04	-0.01	-0.04	Flag
929	OD102F09	40S ribosomal protein S21, cytosolic - rice	0.02	0.10	-0.04	0.00	0.03	0.01	-0.02	0.02	-0.07
930	OD102F11	dnaK-type molecular chaperone hsp70	-0.01	-0.04	-0.11	-0.02	-0.03	0.10	-0.02	-0.05	-0.19
931	OD102H01	not annotated	0.01	0.07	0.00	0.03	-0.01	0.00	-0.02	-0.02	-0.03
932	OD102H03	putative shikimate kinase (EC 2.7.1.71) precursor - tomato	-0.07	-0.17	-0.01	-0.04	-0.01	0.01	0.00	-0.32	-0.19
933	OD102H05	40S ribosomal protein S23	0.00	0.08	-0.02	0.03	-0.03	-0.03	-0.02	0.00	0.02
934	OD102H07	40S ribosomal protein S3	0.00	0.13	0.04	0.07	-0.02	0.04	0.02	0.06	0.09
935	OD102H09	not annotated	-0.11	-0.15	-0.01	-0.04	0.07	0.07	0.01	-0.11	-0.12
936	OD102H11	40S ribosomal protein S8	0.05	0.21	0.00	0.01	-0.05	-0.01	-0.01	0.02	0.04
937	OD103B01	not annotated	0.05	0.10	0.06	0.02	0.00	0.00	0.03	0.19	0.03
938	OD103B03	cyclin [Oryza sativa]	0.05	0.10	0.04	-0.06	-0.05	-0.05	0.01	0.05	-0.03
939	OD103B05	not annotated	0.02	0.06	0.10	0.09	-0.04	-0.06	0.05	0.13	0.03
940	OD103B07	40S ribosomal protein S8	0.03	0.20	-0.12	-0.03	-0.03	-0.03	-0.07	-0.02	-0.12
941	OD103B09	hypothetical protein [rice](X75814)	-0.08	-0.06	-0.03	0.00	0.05	0.06	-0.01	-0.15	-0.19
942	OD103B11	von Hippel-Lindau binding protein [Homo sapiens]	-0.08	-0.13	-0.07	0.03	0.09	0.06	0.00	-0.10	-0.13
943	OD103D01	putative protein [Arabidopsis](AL138651)	-0.01	0.05	0.06	0.08	0.06	0.12	0.05	0.13	0.00
944	OD103D03	Hypothetical protein [Oryza sativa], tubby-like protein	-0.02	-0.05	0.00	0.00	0.07	0.06	0.03	0.05	-0.17
945	OD103D05	hypothetical protein [Arabidopsis](AC009400)	0.01	0.03	-0.01	0.04	0.00	0.03	0.03	0.06	-0.11
946	OD103D07	Unknown (L1 protein [Human papillomavirus type 74])	-0.02	-0.07	-0.05	-0.09	-0.06	0.01	-0.10	0.06	-0.06
947	OD103D09	60S ribosomal protein L13A, L16-A	-0.05	Flag	-0.08	-0.16	-0.01	-0.02	-0.03	Flag	-0.17
948	OD103D11	not annotated	0.02	0.00	0.02	0.09	0.03	0.04	0.02	0.14	0.14
949	OD103F01	not annotated	0.01	0.00	-0.01	-0.11	-0.05	0.01	-0.02	-0.08	-0.09

950	OD103F03	not annotated	0.07	0.09	0.05	0.03	0.02	-0.01	0.10	0.22	0.01
951	OD103F05	alpha-tubulin [<i>Oryza sativa</i>]	-0.05	-0.14	-0.02	-0.04	0.05	0.08	0.01	0.03	-0.06
952	OD103F07	not annotated	-0.05	-0.01	-0.05	0.03	0.00	0.03	-0.05	-0.13	-0.28
953	OD103F09	putative protein [<i>Arabidopsis</i>], c-ros-1 tyrosine kinase (put.) - rat	0.01	0.10	0.00	0.05	0.01	0.03	0.00	-0.02	Flag
954	OD103F11	putative seed imbibition protein [<i>Persea americana</i>]	-0.04	-0.08	-0.17	-0.31	-0.10	0.06	-0.12	-0.24	-0.68
955	OD103H01	20S proteasome beta subunit PBD2 [<i>Arabidopsis</i>] from EST	-0.06	-0.09	-0.02	0.04	-0.01	0.01	-0.02	-0.17	-0.24
956	OD103H03	not annotated	-0.04	-0.06	-0.07	-0.06	-0.03	-0.03	-0.04	-0.05	-0.10
957	OD103H05	immunoglobulin mu binding protein 2, DNA-binding protein [<i>Homo sapiens</i>]	-0.03	0.00	0.01	0.07	0.06	0.09	0.02	0.16	-0.01
958	OD103H07	hypothetical protein [<i>Oryza sativa</i>], probable serine/threonine-specific protein kinase (EC 2.7.1.-) <i>arabidopsis</i>	-0.07	-0.11	-0.04	0.06	0.03	0.09	0.00	0.05	-0.07
959	OD103H09	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>](AC005727)	0.06	0.07	0.03	0.05	0.02	0.03	-0.03	-0.01	0.03
960	OD103H11	putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase [<i>Arabidopsis</i>]	0.06	0.07	0.08	0.04	0.02	0.06	0.03	0.13	0.08
961	OCP06B01	not annotated	0.03	0.06	0.02	0.08	-0.07	-0.01	-0.01	0.00	0.04
962	OCP06B03	methionine synthase [<i>Catharanthus roseus</i>](5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine S-methyltransferase (EC 2.1.1.14))	0.11	0.10	0.03	-0.06	-0.04	-0.14	-0.10	0.06	0.15
963	OCP06B05	not annotated	0.08	0.02	0.02	-0.04	-0.07	-0.03	-0.01	0.05	0.00
964	OCP06B07	phenylalanine ammonia-lyase	0.09	0.01	-0.01	-0.18	-0.03	-0.02	-0.12	-0.15	-0.37
965	OCP06B09	not annotated	-0.08	-0.12	-0.10	-0.07	-0.10	-0.01	-0.12	-0.01	-0.20
966	OCP06B11	not annotated	0.05	0.03	-0.07	-0.12	-0.10	-0.13	-0.08	-0.17	-0.15
967	OCP06D01	not annotated	0.06	0.02	0.04	-0.07	-0.03	-0.12	-0.12	-0.03	-0.01
968	OCP06D03	not annotated	-0.07	-0.11	0.01	-0.06	-0.11	0.08	0.00	0.13	-0.21
969	OCP06D05	no hit rice EST	-0.03	-0.02	0.01	-0.04	0.00	0.04	-0.05	0.04	0.01
970	OCP06D07	not annotated	0.07	0.09	0.02	-0.01	-0.03	-0.08	-0.05	0.05	0.03
971	OCP06D09	glycine-rich RNA-binding protein- white mustard	0.01	0.01	0.00	-0.01	-0.04	0.00	-0.03	0.06	0.05
972	OCP06D11	not annotated	-0.06	-0.15	0.00	-0.15	-0.05	-0.04	-0.06	-0.28	-0.15
973	OCP06F01	not annotated	0.10	0.16	0.01	-0.04	-0.04	-0.05	-0.09	-0.04	0.06
974	OCP06F03	not annotated	-0.09	-0.01	0.08	-0.03	-0.06	-0.01	-0.04	-0.09	0.07
975	OCP06F05	not annotated	0.07	0.18	0.01	0.04	-0.02	-0.05	-0.01	0.08	0.08
976	OCP06F07	not annotated	0.09	0.09	0.03	0.00	0.03	-0.06	-0.10	0.01	0.04
977	OCP06F09	not annotated	0.03	0.05	0.00	-0.05	-0.01	0.04	-0.09	-0.06	-0.34
978	OCP06F11	not annotated	-0.03	-0.06	0.00	-0.02	0.04	0.05	-0.04	0.02	-0.03
979	OCP06H01	not annotated	0.05	Flag	0.00	-0.01	0.05	-0.02	-0.03	0.00	0.01
980	OCP06H03	not annotated	0.00	0.00	-0.05	-0.10	-0.06	-0.07	-0.05	-0.19	-0.14
981	OCP06H05	10 kDa chaperonin [<i>Arabidopsis</i>]	-0.12	-0.04	-0.11	0.03	0.13	0.09	-0.10	0.05	-0.10
982	OCP06H07	not annotated	0.01	0.13	0.01	0.08	-0.01	0.02	0.02	-0.01	-0.03
983	OCP06H09	not annotated	0.13	0.03	0.05	-0.03	-0.17	0.00	-0.09	-0.14	-0.10
984	OCP06H11	histone H2A	0.06	0.09	-0.06	-0.11	-0.11	-0.12	-0.02	-0.09	-0.09
985	OE105B01	not annotated	0.07	-0.01	0.09	-0.04	-0.05	0.03	0.02	0.12	0.07
986	OE105B03	unknown (GP63-2 protein [<i>Trypanosoma cruzi</i>]) from EST	-0.08	-0.08	0.00	-0.04	0.05	0.06	0.03	-0.28	-0.15
987	OE105B05	not annotated	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
988	OE105B07	not annotated	0.06	0.06	0.08	-0.05	-0.07	-0.06	0.01	0.05	-0.02
989	OE105B09	hypothetical protein [<i>Arabidopsis</i>](AC006224)	0.00	0.05	0.00	0.03	0.03	0.04	0.00	Flag	Flag
990	OE105B11	not annotated	0.00	0.05	0.00	0.01	0.00	0.02	0.03	-0.11	Flag
991	OE105D01	not annotated	0.03	0.05	-0.01	0.06	0.03	0.03	-0.03	-0.09	-0.11
992	OE105D03	not annotated	-0.12	-0.28	-0.20	-0.23	-0.10	-0.10	-0.10	-0.52	-0.44
993	OE105D05	unknown protein [<i>Arabidopsis</i>](U90439)	0.04	-0.07	0.22	0.18	0.11	0.07	0.07	0.31	0.14
994	OE105D07	putative protein [<i>Arabidopsis</i>](T04917)	-0.02	0.11	-0.06	0.03	-0.10	0.00	-0.05	-0.08	-0.19
995	OE105D09	40S ribosomal protein S26 or S31	0.07	0.21	-0.02	0.08	0.00	-0.03	0.01	0.08	0.16
996	OE105D11	GTP-binding protein [<i>Nicotiana tabacum</i>] from EST	-0.02	-0.06	-0.08	-0.06	-0.14	-0.03	-0.03	-0.19	-0.05
997	OE105F01	not annotated	-0.11	-0.15	Flag	Flag	0.06	0.03	Flag	0.05	-0.03
998	OE105F03	no hit no EST	0.00	0.02	0.06	0.05	0.10	0.10	0.06	0.20	0.00
999	OE105F05	cytochrome b5-(rice X75670.1)	-0.18	-0.34	-0.03	-0.19	0.00	0.04	-0.06	-0.38	-0.25
1000	OE105F07	not annotated	Flag	Flag	0.12	0.09	Flag	Flag	-0.01	Flag	0.02

1001	OE105F09	no hit rice EST	-0.20	-0.22	-0.18	-0.24	-0.04	0.00	-0.11	-0.80	-0.77
1002	OE105F11	60S ribosomal protein L12	0.06	0.18	0.01	0.10	0.01	0.00	-0.01	0.06	0.01
1003	OE105H01	not annotated	Flag	Flag	-0.19	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1004	OE105H03	hypothetical protein [Neurospora crassa] from EST	-0.02	-0.12	0.00	-0.07	0.00	-0.02	-0.03	-0.33	-0.37
1005	OE105H05	not annotated	0.08	-0.03	-0.03	0.00	-0.03	-0.02	-0.10	-0.02	-0.05
1006	OE105H07	not annotated	-0.03	0.00	0.01	0.05	0.05	0.05	0.00	0.02	-0.17
1007	OE105H09	not annotated	0.08	0.12	0.08	0.12	-0.04	0.00	-0.03	0.06	-0.11
1008	OE105H11	not annotated	0.03	0.05	-0.01	0.04	0.02	0.03	0.01	0.05	-0.04
1009	OC104B01	unknown protein [Arabidopsis](AC007071)	0.02	0.04	Flag	Flag	0.02	0.02	Flag	Flag	0.02
1010	OC104B03	not annotated	0.08	0.09	0.00	0.06	0.06	-0.02	0.02	0.05	0.03
1011	OC104B05	unknown no EST (partial ABA- and ripening-inducible-like protein)	0.00	0.00	0.00	0.06	0.24	0.23	0.04	0.08	-0.02
1012	OC104B07	hypothetical protein [Arabidopsis]F1N21.15	0.00	0.08	0.03	0.23	0.02	0.08	0.04	0.16	0.16
1013	OC104B09	unknown (DCL protein, chloroplast precursor)	-0.04	0.03	-0.07	-0.01	0.04	0.01	-0.05	-0.20	-0.17
1014	OC104B11	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.03	0.27	-0.03	0.11	0.00	-0.05	-0.04	0.03	-0.12
1015	OC104D01	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.03	0.26	-0.04	0.06	-0.01	-0.04	-0.05	0.08	-0.06
1016	OC104D03	not annotated	0.06	0.21	-0.01	0.03	-0.01	-0.05	-0.02	0.06	0.02
1017	OC104D05	Caffeoyl CoA O-methyltransferase [Zea mays]	-0.02	-0.06	0.03	0.06	0.08	0.11	0.04	0.16	0.01
1018	OC104D07	cytochrome b5 reductase [Zea mays] from EST	0.01	0.06	0.08	0.11	0.09	0.05	0.00	0.04	0.03
1019	OC104D09	not annotated	-0.04	-0.08	0.00	0.03	0.05	0.11	0.06	0.19	-0.01
1020	OC104D11	cobalamine-independent methionine synthase	0.09	0.15	0.07	0.07	0.04	-0.07	-0.09	0.13	0.11
1021	OC104F01	hypothetical protein, highly expressed in fruit (apple tree), auxin-repressed protein	0.04	0.19	Flag	0.17	-0.02	-0.10	-0.02	0.09	0.12
1022	OC104F03	not annotated	0.02	0.02	0.02	0.05	0.01	0.10	0.02	0.09	0.02
1023	OC104F05	monodehydroascorbate reductase, cytosolic	0.03	0.03	0.17	0.12	0.19	0.13	0.09	0.16	0.16
1024	OC104F07	unknown (partial homology to dTDP-glucose 4,6 dehydratase)	0.00	-0.04	0.06	0.07	0.09	0.06	0.00	0.11	0.06
1025	OC104F09	60S ribosomal protein L19	0.09	0.16	0.00	0.04	-0.04	-0.10	-0.07	0.07	0.08
1026	OC104F11	hypothetical protein [Arabidopsis]F59A6.1	-0.24	-0.08	-0.30	-0.17	-0.19	-0.14	-0.10	-0.11	-0.48
1027	OC104H01	60S ribosomal protein L1	-0.06	0.12	-0.10	-0.03	-0.08	-0.05	-0.11	-0.18	-0.12
1028	OC104H03	not annotated	0.06	0.03	0.00	0.01	0.00	-0.06	-0.06	-0.05	-0.14
1029	OC104H05	not annotated	0.07	0.12	0.00	0.06	-0.02	-0.01	-0.03	0.07	0.08
1030	OC104H07	60S ribosomal protein L13	0.04	0.16	-0.02	0.06	0.06	0.03	-0.03	0.06	0.00
1031	OC104H09	oryzain (EC3.4.22.-) alpha precursor - rice	-0.12	-0.11	0.12	0.22	0.16	0.10	0.05	0.15	0.05
1032	OC104H11	hypothetical protein [Arabidopsis]F35E8.10	0.00	-0.11	-0.03	-0.01	0.01	0.04	-0.01	-0.04	-0.16
1033	OC101B01	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.06	0.24	-0.01	0.12	0.00	-0.02	0.00	0.14	0.03
1034	OC101B03	homolog of CLOCK protein	0.00	0.09	0.16	0.18	-0.05	0.13	0.00	0.12	0.20
1035	OC101B05	60S ribosomal protein L29	0.02	0.01	0.00	0.02	-0.04	-0.01	-0.05	-0.04	0.03
1036	OC101B07	no hit no EST	0.06	0.03	0.01	0.03	0.04	0.06	0.04	0.05	0.08
1037	OC101B09	60S ribosomal protein L18A	0.09	0.24	0.04	0.06	0.03	-0.07	-0.05	0.12	0.13
1038	OC101B11	60S acidic ribosomal protein P1a	-0.05	-0.02	-0.03	0.03	0.04	0.05	-0.08	0.06	-0.19
1039	OC101D01	urease accessory protein UREG [Arabidopsis]	-0.03	-0.06	-0.04	0.00	0.01	0.01	-0.08	-0.32	Flag
1040	OC101D03	not annotated	-0.09	-0.08	-0.10	0.07	0.05	0.07	-0.06	0.10	-0.10
1041	OC101D05	unknown protein [Arabidopsis](AC005388)	-0.05	-0.14	-0.01	0.00	0.00	0.03	-0.07	-0.38	-0.27
1042	OC101D07	not annotated	-0.02	-0.05	-0.05	-0.04	0.02	0.01	-0.06	-0.06	-0.08
1043	OC101D09	trypsin inhibitor-(1) (Bowman-Birk type)	0.06	0.19	0.32	0.26	0.25	0.04	0.17	0.45	0.42
1044	OC101D11	not annotated	-0.02	0.03	0.03	0.05	0.08	0.09	0.02	0.16	0.08
1045	OC101F01	high mobility group protein (HMGP-1, contigID1548))	0.02	0.09	0.03	0.12	-0.14	-0.05	-0.06	0.05	-0.08
1046	OC101F03	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001800)	0.00	0.01	0.03	0.02	0.04	0.08	0.02	-0.01	0.10
1047	OC101F05	60S ribosomal protein L1	0.01	0.06	0.01	0.04	0.01	0.05	0.00	0.09	0.09
1048	OC101F07	cobalamine-independent methionine synthase	0.14	0.09	0.08	-0.01	0.02	-0.04	-0.12	0.13	0.16
1049	OC101F09	receptor-like protein kinase [Arabidopsis]	0.01	-0.03	0.03	-0.04	0.01	-0.01	-0.07	-0.24	-0.13
1050	OC101F11	histone H4	-0.01	0.04	-0.02	-0.04	0.06	0.02	-0.06	-0.12	-0.11
1051	OC101H01	unknown (prothymosin alpha [Homo sapiens])	-0.09	-0.02	0.04	0.03	0.05	0.01	-0.07	-0.17	-0.28
1052	OC101H03	not annotated	-0.14	-0.14	-0.08	-0.08	0.03	0.01	-0.06	-0.36	-0.28
1053	OC101H05	unknown (p-glycoprotein [Urechis caupo])	-0.23	-0.28	-0.08	-0.11	-0.01	0.00	-0.12	-0.55	-0.55
1054	OC101H07	casein kinase II beta subunit CKB2 [Arabidopsis thaliana]	-0.07	-0.07	-0.02	0.00	0.02	0.00	-0.04	-0.18	-0.17
1055	OC101H09	hypothetical protein [Arabidopsis](AC009991)	-0.04	-0.03	-0.01	0.01	0.10	0.14	0.06	0.08	-0.05
1056	OC101H11	not annotated	0.03	0.16	0.00	0.06	0.02	0.01	0.03	0.05	-0.04

1057	OE06B01	stress-induced protein OZI1 precursor - Arabidopsis thaliana	0.04	0.03	0.03	0.03	0.03	0.00	0.00	0.09	0.08
1058	OE06B03	putative protein [Arabidopsis](AL096882)	0.01	0.09	0.02	-0.09	-0.12	-0.07	-0.01	0.00	0.06
1059	OE06B05	lipid transfer protein	-0.02	0.06	-0.07	-0.04	0.00	0.06	-0.02	-0.04	0.01
1060	OE06B07	unknown protein [Arabidopsis](AC007109)	0.01	0.06	-0.02	0.00	0.03	0.00	0.00	0.04	0.06
1061	OE06B09	Cobalamin-Independent Methionine Synthase	0.09	0.15	0.06	0.03	0.05	-0.04	-0.04	0.13	0.13
1062	OE06B11	cycloartenol-C24-methyltransferase	0.10	0.09	0.06	0.00	-0.10	-0.11	-0.08	-0.03	-0.02
1063	OE06D01	60s ribosomal protein L5	0.03	0.15	-0.01	0.00	0.05	0.01	-0.10	-0.03	-0.12
1064	OE06D03	cyclophilin	-0.06	0.11	-0.01	0.19	0.08	0.06	-0.06	0.10	0.05
1065	OE06D05	no hit from riceEST	-0.09	-0.15	-0.05	-0.06	-0.01	0.03	-0.05	-0.25	-0.28
1066	OE06D07	subtilisin/chymotrypsin inhibitor (low homology to ID252)	0.03	-0.08	0.09	0.07	0.05	0.03	0.05	0.09	-0.02
1067	OE06D09	S-adenosyl-L-methionine synthetase, pOS-SAMS2 [Oryza sativa]	0.09	0.06	-0.03	-0.19	-0.29	-0.14	-0.06	0.01	-0.12
1068	OE06D11	20S proteasome beta subunit PBC2 (From EST)	-0.03	0.03	0.00	-0.04	Flag	0.00	0.04	0.12	Flag
1069	OE06F01	60S ribosomal protein L24 from EST	-0.10	-0.06	-0.09	-0.09	-0.06	-0.02	-0.02	-0.16	-0.17
1070	OE06F03	hypothetical protein [Synechocystis sp.]	-0.03	-0.05	0.01	-0.03	0.00	0.02	0.01	-0.17	-0.06
1071	OE06F05	enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolyase)	-0.09	-0.09	-0.10	-0.08	0.10	0.06	-0.08	0.04	0.01
1072	OE06F07	unknown protein [Arabidopsis](AC007071)	0.00	0.00	-0.03	-0.03	-0.05	0.00	-0.01	0.09	0.03
1073	OE06F09	not annotated	0.00	0.00	0.00	-0.03	-0.04	0.02	0.02	0.06	0.00
1074	OE06F11	no hit no EST	0.05	0.05	0.01	0.00	-0.04	-0.07	-0.02	0.06	0.08
1075	OE06H01	putative protein [Arabidopsis](AL031986)	-0.01	0.02	0.03	0.03	0.07	-0.03	0.01	0.14	-0.25
1076	OE06H03	glyoxysomal malate dehydrogenase	-0.02	-0.06	0.03	0.11	0.16	0.10	-0.08	-0.01	-0.12
1077	OE06H05	not annotated	-0.03	-0.03	-0.02	0.03	0.00	-0.03	-0.08	-0.04	-0.17
1078	OE06H07	adenylate kinase-b	-0.08	-0.12	-0.10	-0.10	-0.10	-0.05	-0.08	-0.25	-0.22
1079	OE06H09	40S ribosomal protein S31	0.01	0.10	-0.04	0.10	-0.05	0.00	-0.02	0.14	0.08
1080	OE06H11	jab1 protein	0.03	0.03	-0.01	0.04	-0.04	0.01	-0.01	0.02	-0.06
1081	OC04B01	GDP-L-fucose synthetase	-0.03	-0.08	0.02	0.04	0.04	0.11	0.05	0.22	0.06
1082	OC04B03	histone H3	0.06	0.17	0.15	0.05	-0.03	0.03	0.08	0.26	0.09
1083	OC04B05	unknown protein [Arabidopsis](AC009755)	-0.05	-0.04	-0.06	-0.04	0.05	0.02	-0.04	-0.07	-0.12
1084	OC04B07	glycine hydroxymethyltransferase (SHM-2)	0.05	0.03	0.20	0.11	0.07	0.06	0.04	0.28	0.24
1085	OC04B09	not annotated	-0.05	-0.11	-0.12	-0.10	-0.02	0.00	-0.11	-0.12	-0.08
1086	OC04B11	poly(A)-binding protein	0.04	0.17	-0.02	0.06	-0.06	-0.03	-0.04	0.10	0.03
1087	OC04D01	40S ribosomal protein S8	0.09	0.19	-0.07	-0.01	-0.11	-0.09	-0.10	-0.02	0.05
1088	OC04D03	oligosaccharyltransferase [Homo sapiens], dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase	0.02	0.11	-0.04	0.06	0.01	0.02	-0.10	-0.02	-0.05
1089	OC04D05	peroxidase-1 (EC 1.11.1.7)	0.03	0.32	0.16	0.18	0.08	-0.01	0.09	0.21	-0.12
1090	OC04D07	40S ribosomal protein S14	-0.02	0.07	-0.04	-0.02	-0.03	-0.06	-0.05	-0.02	-0.09
1091	OC04D09	translation initiation factor eIF3-p48 [Homo sapiens], Int-6 [Homo sapiens]	0.00	0.11	0.01	0.08	-0.03	0.03	-0.04	0.07	-0.02
1092	OC04D11	not annotated	0.00	0.01	0.02	0.00	-0.02	0.04	-0.02	0.03	0.05
1093	OC04F01	unknown (G protein-coupled receptor GPR3 [Homo sapiens])	-0.14	-0.11	-0.16	-0.08	-0.11	-0.07	-0.01	-0.07	-0.22
1094	OC04F03	histone H4 (TH091)	0.11	0.17	0.00	-0.06	0.00	-0.12	0.02	0.03	-0.06
1095	OC04F05	polyubiquitin 6 - rice	-0.08	0.05	0.03	0.04	0.18	0.11	0.19	0.09	-0.13
1096	OC04F07	unknown protein (AC002332) [Arabidopsis] from EST	0.07	0.07	0.06	0.00	0.03	0.05	0.03	0.08	0.00
1097	OC04F09	ketol-acid reductoisomerase (KAR-2)	-0.17	-0.16	-0.12	-0.19	0.10	0.12	-0.04	-0.28	-0.19
1098	OC04F11	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.06	0.10	-0.08	-0.14	-0.19	-0.31	-0.09	0.09	0.01
1099	OC04H01	unknown protein [Arabidopsis](AC006201)	0.03	0.04	0.07	-0.04	-0.04	-0.02	-0.03	-0.03	-0.05
1100	OC04H03	GTP-binding protein - maize	-0.08	-0.01	0.02	-0.05	-0.08	-0.03	0.02	-0.13	-0.26
1101	OC04H05	ethylene-inducible protein [Hevea brasiliensis]	-0.17	-0.09	0.14	0.04	0.04	0.17	0.03	-0.03	-0.23
1102	OC04H07	no hit rice EST	-0.07	-0.04	0.03	0.04	0.03	0.07	0.06	0.08	-0.10
1103	OC04H09	no hit no EST	-0.03	0.05	-0.02	0.02	0.02	0.02	-0.06	-0.05	-0.05
1104	OC04H11	receptor-like protein kinase [Oryza sativa]	0.09	0.16	0.11	0.09	0.09	-0.03	-0.02	0.15	0.09
1105	OC01B01	polypyrimidine tract-binding protein	-0.10	-0.06	-0.03	-0.01	0.05	0.04	0.00	-0.10	-0.12
1106	OC01B03	gamma-adaptin 3	0.00	0.05	0.02	0.01	-0.08	-0.01	0.00	0.07	-0.03
1107	OC01B05	hypothetical protein L7836.06	-0.03	-0.05	-0.01	0.01	-0.05	0.08	0.01	0.01	-0.08
1108	OC01B07	60S ribosomal protein L21	0.08	0.21	0.04	0.08	-0.05	0.00	0.00	0.08	0.03
1109	OC01B09	threonine synthase (EC 4.2.99.2)	-0.02	0.04	0.05	-0.01	0.03	0.05	0.00	0.06	0.03
1110	OC01B11	glutathione S-transferase (auxin-induced)	-0.07	0.16	0.04	0.17	0.39	0.15	0.06	0.28	0.20
1111	OC01D01	unknown (endo-1,4-beta-glucanase) from EST	-0.10	-0.15	-0.02	-0.10	-0.02	-0.03	-0.05	-0.21	-0.19

1169	OE05F09	similar to dehydration-induced protein RD24	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1170	OE05F11	beta-galactosidase	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1171	OE05H01	metallothionein-like protein	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1172	OE05H03	not annotated	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1173	OE05H05	similar to Yb-E12R [Yaba monkey tumor virus]	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1174	OE05H07	not annotated	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1175	OE05H09	phenylalanine ammonia-lyase	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1176	OE05H11	protein carboxyl methylase-like [Arabidopsis]	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1177	OE04B01	no hit rice EST	0.00	-0.05	-0.05	-0.02	-0.03	-0.03	-0.05	-0.24	-0.29	
1178	OE04B03	unknown (translation elongation factor-1)	0.03	0.13	-0.06	0.00	-0.09	-0.02	-0.02	0.03	-0.11	
1179	OE04B05	no hit rice EST	-0.05	-0.11	-0.05	-0.09	-0.08	-0.02	-0.06	-0.16	-0.17	
1180	OE04B07	40S ribosomal protein S11	-0.01	0.21	0.00	0.08	-0.07	0.02	-0.02	0.02	-0.05	
1181	OE04B09	U2 snRNP auxiliary factor, small subunit	-0.05	-0.06	0.00	-0.02	0.07	0.09	-0.03	0.10	-0.05	
1182	OE04B11	no hit rice EST	Flag	Flag	Flag	0.01	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1183	OE04D01	unknown (melanocortin receptor 2 - human)	0.01	0.05	0.13	0.09	0.00	0.01	0.09	0.18	0.08	
1184	OE04D03	hypothetical protein [Arabidopsis](AC002292)	-0.03	-0.03	-0.01	0.01	-0.06	0.00	0.00	0.01	-0.07	
1185	OE04D05	unknown protein [Arabidopsis](AC002294)	0.00	0.05	0.03	0.09	0.07	0.02	-0.06	0.08	0.03	
1186	OE04D07	branched-chain amino acid aminotransferase	-0.19	-0.24	-0.21	-0.17	-0.01	0.02	-0.13	-0.57	-0.77	
1187	OE04D09	similar to ARE1 [Rattus norvegicus]	-0.06	0.02	-0.06	0.00	0.00	0.05	-0.12	-0.14	-0.59	
1188	OE04D11	alpha-galactosidase	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1189	OE04F01	unknown (RNA polymerase [Arabidopsis](AC009853)	-0.06	-0.04	-0.32	-0.28	-0.08	-0.23	-0.11	-0.04	-0.30	
1190	OE04F03	S-adenosylmethionine decarboxylase 2, identical to SAMDC2 [Oryza sativa]	0.03	-0.01	0.22	0.04	0.06	0.14	0.14	0.39	0.02	
1191	OE04F05	unknown (dTDP-L-rhamnose synthase Cps19aO [Streptococcus])	-0.04	0.04	-0.05	0.09	-0.05	0.06	0.04	0.08	0.05	
1192	OE04F07	ubiquitin-conjugating enzyme from EST	-0.09	-0.06	0.03	0.13	0.06	0.06	0.05	0.09	0.05	
1193	OE04F09	unknown (RNA polymerase Arabidopsis)(AF019248)	-0.05	0.06	-0.02	0.09	0.05	0.10	-0.02	0.11	-0.14	
1194	OE04F11	unknown (NADH dehydrogenase subunit 4)	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1195	OE04H01	not annotated	-0.02	0.02	0.02	0.01	-0.01	0.01	-0.01	-0.06	-0.03	
1196	OE04H03	not annotated	-0.10	0.08	-0.07	0.06	-0.11	0.08	0.00	0.10	-0.05	
1197	OE04H05	unknown (DNA adenine methylase)	0.10	0.06	-0.01	-0.16	-0.29	-0.16	-0.01	0.00	-0.02	
1198	OE04H07	no hit rice EST	-0.06	-0.03	-0.01	0.11	0.05	0.08	-0.03	0.06	-0.04	
1199	OE04H09	40S ribosomal protein S5	0.00	0.16	-0.03	0.06	-0.10	0.00	-0.11	-0.03	-0.22	
1200	OE04H11	not annotated	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag	Flag
1201	OC02B01	not annotated	-0.08	-0.09	-0.19	-0.23	-0.10	-0.06	-0.15	-0.44	Flag	
1202	OC02B03	not annotated	-0.04	-0.04	-0.02	0.00	0.04	0.07	-0.08	-0.02	-0.11	
1203	OC02B05	no hit no EST	0.01	0.04	-0.04	0.04	-0.02	0.01	-0.05	-0.02	-0.06	
1204	OC02B07	putative protein [Arabidopsis](AL035602)	-0.06	-0.04	-0.04	0.10	-0.01	0.10	0.02	0.03	-0.03	
1205	OC02B09	not annotated	-0.07	-0.15	-0.04	-0.04	-0.02	-0.01	-0.04	-0.24	-0.17	
1206	OC02B11	40S ribosomal protein S6	0.13	0.26	0.08	0.08	-0.08	-0.03	-0.09	0.10	0.05	
1207	OC02D01	shaggy related protein kinase ASK-gamma EC 2.7.1.-	-0.05	0.15	0.05	0.01	-0.02	0.01	-0.10	0.10	-0.04	
1208	OC02D03	60S ribosomal protein L13A	0.10	0.16	0.04	0.05	0.02	-0.01	-0.02	0.11	0.09	
1209	OC02D05	60S ribosomal protein L24	0.09	0.17	0.00	0.11	-0.10	-0.02	-0.03	0.05	0.13	
1210	OC02D07	serine/threonine kinase-like protein	-0.06	-0.15	0.09	-0.03	-0.02	0.03	-0.05	-0.01	-0.10	
1211	OC02D09	not annotated	0.01	-0.02	-0.07	-0.12	-0.14	-0.04	-0.12	-0.13	-0.32	
1212	OC02D11	60S ribosomal protein L28	0.00	0.18	0.00	0.10	0.04	0.02	-0.01	0.06	-0.12	
1213	OC02F01	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic	-0.11	-0.07	0.01	-0.07	0.04	0.09	-0.06	0.09	-0.26	
1214	OC02F03	no hit rice EST	-0.23	-0.40	-0.17	-0.38	-0.04	0.02	-0.10	-0.54	-0.48	
1215	OC02F05	Homolog of ornithine carbamoyltransferase	-0.07	-0.10	0.00	-0.03	0.05	0.00	0.01	-0.15	-0.24	
1216	OC02F07	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.05	0.05	0.06	-0.20	-0.17	-0.26	Flag	Flag	Flag	
1217	OC02F09	serine/glycin hydroxymethyltransferase	-0.02	0.00	0.08	0.05	-0.01	0.03	-0.04	Flag	Flag	
1218	OC02F11	RNA binding protein	0.02	0.03	0.02	0.06	-0.03	0.03	-0.03	0.02	0.04	
1219	OC02H01	not annotated	-0.09	0.05	-0.04	-0.01	-0.06	0.11	0.08	0.03	0.04	
1220	OC02H03	no hit partial EST	-0.01	0.05	0.33	0.37	0.20	0.09	0.11	0.28	0.12	
1221	OC02H05	no hit no EST	0.00	-0.11	0.07	-0.06	-0.05	0.06	-0.02	0.00	-0.12	
1222	OC02H07	60S ribosomal protein L9	-0.06	Flag	Flag	-0.07	0.00	-0.02	Flag	Flag	Flag	
1223	OC02H09	no hit no EST	-0.06	0.01	-0.07	0.00	0.03	0.04	-0.07	-0.08	-0.31	
1224	OC02H11	OSK4 Oryza	-0.11	-0.17	-0.12	-0.14	0.02	0.03	-0.09	-0.35	-0.46	
1225	OC05B01	no hit rice EST	-0.13	-0.17	-0.02	0.02	0.13	0.15	0.00	0.04	-0.38	
1226	OC05B03	histone H4	0.01	0.14	-0.04	-0.06	0.06	-0.02	0.01	-0.07	-0.23	

1227	OC05B05	homocysteine S-methyltransferase AtHMT-2 [Arabidopsis]	-0.05	0.02	-0.05	0.01	0.02	0.04	-0.07	-0.09	-0.15
1228	OC05B07	transport inhibitor response 1 [Arabidopsis]	-0.11	0.02	0.00	0.05	0.06	0.08	0.00	-0.06	-0.10
1229	OC05B09	phosphoribosyl pyrophosphate synthase isozyme 4 [Spinacia oleracea]	-0.06	-0.19	-0.15	-0.23	-0.21	-0.01	-0.06	-0.24	-0.30
1230	OC05B11	hypothetical protein [Arabidopsis]F3M18.7	0.00	0.07	-0.01	0.09	0.01	0.06	-0.10	-0.06	-0.02
1231	OC05D01	40S ribosomal protein S19	-0.02	0.14	0.02	0.08	0.02	0.02	-0.01	-0.02	-0.03
1232	OC05D03	hypothetical protein C02A12.3 - C. elegans	-0.01	0.10	-0.01	0.01	0.05	0.01	0.00	0.01	-0.06
1233	OC05D05	heat shock protein 82 (HSP82)	-0.06	0.06	-0.09	-0.04	-0.06	0.11	0.03	0.04	-0.13
1234	OC05D07	CLV1 receptor kinase Homologous [Arabidopsis]	-0.03	-0.10	0.01	-0.03	0.00	0.09	-0.04	Flag	-0.12
1235	OC05D09	isocitrate dehydrogenase, NADP-specific	0.07	0.08	-0.02	0.07	-0.01	-0.01	-0.11	0.00	-0.06
1236	OC05D11	unknown (nucleolar protein NOP3 - yeast)	-0.01	-0.06	-0.06	0.00	-0.08	0.09	-0.06	-0.14	Flag
1237	OC05F01	unknown (cystein string protein)	0.06	0.32	-0.10	-0.02	-0.07	-0.06	-0.07	-0.08	-0.29
1238	OC05F03	serine carboxypeptidase II-3 PRECURSOR - barley	-0.07	-0.18	-0.15	-0.07	0.03	0.01	-0.07	-0.52	Flag
1239	OC05F05	unknown (Chd1p: transcriptional regulator [Saccharomyces cerevisiae])	-0.06	-0.01	-0.01	0.08	0.05	0.12	0.00	-0.08	Flag
1240	OC05F07	cellulose synthase catalytic subunit [Gossypium hirsutum]	-0.10	-0.21	Flag	Flag	0.06	0.14	Flag	Flag	Flag
1241	OC05F09	no hit no EST	-0.10	0.00	-0.02	0.02	0.00	0.02	Flag	Flag	Flag
1242	OC05F11	protoporphyrinogen IX oxidase, mitochondrial [Glycine max]	-0.12	-0.25	-0.08	-0.14	-0.06	0.01	-0.08	-0.39	-0.24
1243	OC05H01	unknown (40S ribosomal protein S3a - rice)	0.10	0.20	Flag	0.09	-0.07	-0.03	Flag	Flag	Flag
1244	OC05H03	hypothetical protein (clone NF22) - common tobacco	0.01	0.07	-0.02	0.00	-0.09	0.00	-0.04	0.05	Flag
1245	OC05H05	GTP-binding protein Rab6 - common tobacco	-0.03	0.05	0.01	0.02	-0.12	0.02	-0.02	0.03	-0.02
1246	OC05H07	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.05	0.18	-0.05	0.04	-0.02	0.02	-0.03	0.08	0.05
1247	OC05H09	not annotated	0.00	-0.04	-0.06	-0.02	-0.02	0.03	-0.05	Flag	Flag
1248	OC05H11	60S ribosomal protein L25 or L23A	0.06	0.17	0.01	0.01	-0.02	-0.05	-0.10	-0.07	-0.18
1249	OE201B01	sucrose synthase-2, identical to sus2 [Oryza sativa]	0.03	0.00	-0.38	-0.41	-0.17	-0.23	-0.35	-0.41	-0.34
1250	OE201B03	no hit no EST	-0.05	0.00	-0.06	-0.01	0.00	0.06	-0.10	-0.07	-0.27
1251	OE201B05	unknown (putative prohead protease [Rhodobacter capsulatus])	-0.24	-0.46	-0.22	-0.33	-0.03	0.05	-0.14	-0.72	-0.70
1252	OE201B07	hypothetical protein A196L - Chlorella virus PBCV-1	-0.02	-0.07	0.00	0.08	0.00	0.03	-0.05	-0.11	-0.15
1253	OE201B09	no hit no EST	0.01	0.12	0.04	-0.05	-0.09	0.04	-0.16	-0.15	-0.35
1254	OE201B11	hypothetical protein [Arabidopsis]T16L1.120	-0.06	-0.07	-0.02	-0.02	0.02	0.05	-0.08	-0.07	-0.30
1255	OE201D01	beta-glucosidase homolog	0.00	-0.18	0.14	0.00	0.07	-0.01	-0.07	-0.08	-0.14
1256	OE201D03	H ⁺ -transporting ATP synthase (EC 3.6.1.34) beta chain, mitochondrial	-0.01	0.06	0.00	0.02	-0.15	-0.01	-0.12	0.03	0.00
1257	OE201D05	unknown (box A-binding factor - fruit fly)	-0.06	-0.21	-0.05	-0.15	-0.06	-0.02	-0.08	-0.34	-0.23
1258	OE201D07	unknown (NADH dehydrogenase (ubiquinone) chain 2 homolog, Chlorella)	0.03	0.06	0.00	0.01	-0.07	0.04	0.03	0.17	-0.10
1259	OE201D09	translation initiation factor [Arabidopsis]	-0.01	-0.08	0.25	0.06	-0.03	0.03	0.27	0.31	0.04
1260	OE201D11	enolase (2-phospho-D-glycerate hydrolyase)	-0.15	-0.09	-0.14	-0.07	0.07	0.06	-0.19	-0.07	-0.26
1261	OE201F01	unknown (A_IG005I10.24 gene product [Arabidopsis])	0.09	-0.03	0.10	-0.13	-0.30	-0.08	-0.17	-0.14	-0.40
1262	OE201F03	unknown (PP2A-B regulatory subunit PR55/B [Caenorhabditis elegans])	-0.09	-0.12	-0.11	-0.01	0.06	0.17	-0.17	-0.14	-0.26
1263	OE201F05	tubulin beta-8 chain - maize	-0.08	0.00	-0.09	-0.03	-0.06	0.02	-0.10	-0.14	-0.26
1264	OE201F07	putative AAA-type ATPase [Arabidopsis]	-0.05	-0.11	-0.07	-0.07	-0.08	0.03	-0.08	-0.28	-0.28
1265	OE201F09	no hit rice EST	-0.06	0.13	0.02	0.06	-0.04	0.09	0.02	0.02	-0.23
1266	OE201F11	no hit no EST	-0.03	-0.04	-0.08	0.00	-0.02	0.02	-0.03	Flag	-0.35
1267	OE201H01	40S ribosomal protein S18A from EST	0.04	0.00	-0.06	-0.01	-0.04	0.00	-0.01	-0.05	-0.13
1268	OE201H03	unknown protein (homeodomain transcription factor Prospero)	-0.01	0.03	-0.04	-0.03	-0.05	0.03	-0.04	-0.12	-0.19
1269	OE201H05	nicotianamine synthase 1 [Oryza sativa]	-0.04	-0.31	-0.07	-0.31	-0.24	-0.11	-0.12	-0.36	-0.28
1270	OE201H07	unknown (toxin-like outer membrane protein HP0289 - Helicobacter pylori)	-0.03	-0.26	-0.01	-0.09	-0.03	-0.01	-0.05	-0.29	-0.28
1271	OE201H09	unknown (double-stranded RNA-binding zinc finger protein JAZ)	-0.06	-0.24	0.00	0.00	-0.02	0.05	-0.05	-0.08	-0.09

1272	OE201H11	metallothionein-like protein, OsMT-1 [Oryza sativa]	-0.41	-0.46	-0.12	-0.01	0.00	0.34	-0.05	-0.12	-0.04
1273	OC03B01	unknown (tyrosine decarboxylase	-0.10	-0.12	-0.09	-0.10	-0.01	0.05	-0.06	-0.37	-0.44
1274	OC03B03	hypothetical protein (aldehyde dehydrogenase-related protein ycjC - Escherichia coli)	0.00	Flag	0.01	0.06	-0.11	0.01	0.06	Flag	0.01
1275	OC03B05	Hypothetical Protein [Arabidopsis](AC002292)	-0.07	Flag	-0.03	0.01	-0.01	0.08	-0.07	Flag	-0.46
1276	OC03B07	hexokinase 1(EC 2.7.1.1)	-0.06	-0.08	-0.09	0.03	-0.02	0.09	-0.11	0.01	-0.12
1277	OC03B09	unknown (partial Homology with NADH dehydrogenase (ubiquinone) (EC 1.6.5.3) chain 5)	Flag	Flag	0.02	0.08	0.00	0.08	-0.02	-0.06	-0.15
1278	OC03B11	60S ribosomal protein L34	-0.02	0.13	-0.08	0.09	-0.14	-0.01	-0.17	0.00	-0.09
1279	OC03D01	HIRA-interacting protein (HIRIP5) [Mus musculus]	-0.02	-0.07	-0.01	0.03	-0.02	0.02	0.01	0.05	-0.10
1280	OC03D03	gag polyprotein [Human immunodeficiency virus type 1]	0.00	-0.01	-0.04	-0.01	-0.07	0.04	-0.03	-0.11	-0.24
1281	OC03D05	40S ribosomal protein S3a	0.05	0.16	-0.01	0.07	-0.09	-0.01	-0.06	-0.02	0.00
1282	OC03D07	40S ribosomal protein S30	-0.01	Flag	0.04	0.05	-0.07	0.06	-0.05	0.06	-0.05
1283	OC03D09	peptidylprolyl isomerase (EC 5.2.1.8) - wheat	-0.07	-0.24	-0.03	-0.01	0.00	0.00	-0.05	-0.05	0.03
1284	OC03D11	transcription factor hap5b [Arabidopsis]	-0.02	0.08	0.06	0.08	0.04	0.03	-0.07	-0.02	-0.05
1285	OC03F01	no hit no EST	-0.11	0.16	0.08	0.02	0.00	0.09	-0.01	0.04	-0.32
1286	OC03F03	water channel protein (WCP-III)	-0.16	-0.25	-0.18	-0.37	-0.18	0.12	-0.03	-0.19	-0.82
1287	OC03F05	O-linked GlcNAc transferase Homologous [Caenorhabditis elegans]	-0.06	-0.02	-0.04	-0.07	0.01	0.06	-0.10	-0.07	-0.43
1288	OC03F07	unknown (CG14223 gene product [Drosophila melanogaster])	0.19	0.20	0.03	-0.23	-0.19	-0.02	-0.19	-0.35	-0.40
1289	OC03F09	signal sequence receptor beta subunit [Canis familiaris]	0.01	0.05	-0.05	0.08	-0.12	0.02	-0.07	-0.09	-0.19
1290	OC03F11	hypothetical protein [Homo sapiens] (AL137286)	-0.14	-0.22	-0.10	-0.10	-0.04	0.03	-0.13	-0.34	-0.47
1291	OC03H01	unknown (multidrug resistance-associated protein 3B [Homo sapiens])	0.01	0.00	-0.04	0.03	-0.01	0.03	-0.09	Flag	-0.21
1292	OC03H03	ubiquinol-cytochrome c reductase [Solanum tuberosum]	0.00	-0.12	Flag	0.02	-0.04	0.03	Flag	Flag	Flag
1293	OC03H05	hypothetical protein [Arabidopsis]F27J15.9	-0.04	-0.14	Flag	0.00	-0.06	0.07	Flag	Flag	Flag
1294	OC03H07	neutral invertase like protein [Arabidopsis]	-0.01	-0.03	-0.14	-0.08	-0.08	-0.02	0.00	-0.03	-0.21
1295	OC03H09	unknown protein [Sorghum bicolor](AF124045)	-0.02	-0.11	-0.07	-0.02	-0.02	-0.03	-0.12	-0.17	-0.15
1296	OC03H11	actin (X16280-rice)	0.02	0.04	0.00	-0.05	-0.17	-0.04	-0.07	-0.06	-0.11
1297	OC103B02	40S ribosomal protein S9	0.18	0.26	-0.01	0.08	-0.17	-0.22	-0.02	0.05	0.12
1298	OC103B04	60S ribosomal protein L3	0.16	0.18	0.07	0.09	0.03	-0.10	0.01	0.15	0.08
1299	OC103B06	putative Tub family protein [Arabidopsis]	0.04	0.00	0.03	-0.03	-0.03	-0.10	0.03	-0.06	-0.15
1300	OC103B08	histone 2B	0.11	0.05	0.03	-0.08	-0.06	-0.10	0.02	-0.09	-0.16
1301	OC103B10	40S ribosomal protein S29	0.02	0.05	0.00	0.09	0.01	0.05	0.06	0.18	0.04
1302	OC103B12	unknown protein [Arabidopsis](AC007020)	0.00	-0.04	0.05	-0.03	-0.01	0.03	0.05	-0.27	-0.24
1303	OC103D02	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.09	0.22	0.00	0.09	-0.01	-0.03	0.03	0.04	0.03
1304	OC103D04	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001800)	0.02	0.00	0.05	0.03	0.05	0.04	0.05	0.14	-0.02
1305	OC103D06	receptor protein-like [Arabidopsis]	0.09	0.02	-0.30	-0.35	-0.21	-0.07	-0.17	-0.20	-0.37
1306	OC103D08	not annotated	0.10	0.12	0.03	0.01	-0.05	-0.11	0.02	0.01	-0.03
1307	OC103D10	Unknown protein [Arabidopsis](AC008148) from EST	0.08	-0.06	-0.03	0.08	0.09	0.02	-0.03	0.10	0.03
1308	OC103D12	40S ribosomal protein S14	0.01	0.10	0.01	0.03	-0.01	-0.03	0.03	0.07	-0.04
1309	OC103F02	not annotated	0.01	-0.06	0.03	-0.05	0.06	0.06	0.03	0.08	-0.06
1310	OC103F04	similar to low molecular weight glutenin subunit [Triticum durum]	-0.03	-0.09	-0.01	-0.01	0.02	0.04	0.04	-0.03	-0.10
1311	OC103F06	40S ribosomal protein S19	0.09	0.19	0.03	0.10	0.05	-0.06	0.01	0.12	0.10
1312	OC103F08	60S ribosomal protein L35	0.01	0.04	-0.03	0.04	0.02	-0.01	0.02	0.04	-0.03
1313	OC103F10	similar to transcription factor HLH106 - fruit fly (Drosophila melanogaster)	-0.01	-0.06	-0.03	0.01	0.04	0.06	0.05	0.05	-0.10
1314	OC103F12	not annotated	-0.02	-0.07	0.05	0.07	0.05	0.08	0.05	0.09	-0.02
1315	OC103H02	60S acidic ribosomal protein P1a	0.06	0.06	0.00	0.03	-0.02	0.00	0.03	0.15	0.01
1316	OC103H04	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.12	0.22	0.03	0.06	0.01	-0.02	0.00	0.11	0.00
1317	OC103H06	not annotated	0.07	0.00	0.00	-0.03	-0.07	0.01	-0.02	0.10	-0.01
1318	OC103H08	60S ribosomal protein L35a	0.11	0.16	0.00	0.05	-0.07	-0.04	0.00	0.12	0.04
1319	OC103H10	60S ribosomal protein L35a	0.08	0.14	0.01	0.06	-0.06	-0.02	0.00	0.09	0.01

1320	OC103H12	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.06	-0.04	-0.07	-0.21	-0.14	-0.21	-0.06	0.02	-0.04
1321	OC102B02	histone H2A	0.05	-0.01	-0.01	-0.09	0.00	-0.07	-0.04	-0.08	-0.20
1322	OC102B04	unknown (CG15639 gene product [Drosophila melanogaster])	0.05	0.07	-0.02	0.05	-0.09	-0.04	0.06	0.14	0.00
1323	OC102B06	protein transport protein SEC61 gamma subunit	-0.04	-0.04	0.01	0.05	0.06	0.06	0.10	0.02	-0.03
1324	OC102B08	40S ribosomal protein S27 homolog	-0.05	-0.06	-0.07	-0.02	0.07	0.01	0.03	-0.05	-0.09
1325	OC102B10	60S ribosomal protein L36	0.11	0.09	-0.08	0.02	-0.14	-0.14	0.01	0.10	0.06
1326	OC102B12	not annotated	-0.05	-0.06	0.05	-0.03	0.18	0.18	0.05	0.25	-0.01
1327	OC102D02	40S ribosomal protein S19 or S24	0.07	0.17	0.03	0.09	0.03	-0.03	0.05	0.10	0.02
1328	OC102D04	not annotated	0.14	0.20	0.01	0.03	-0.01	-0.06	0.03	-0.04	-0.06
1329	OC102D06	40S ribosomal protein S27	0.03	0.05	-0.09	0.01	0.10	0.00	0.01	0.04	0.02
1330	OC102D08	UDPglucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2) - Streptococcus mutans	0.06	0.03	0.05	0.00	0.05	-0.04	-0.02	0.01	-0.07
1331	OC102D10	putative protein [Arabidopsis](AL353994)	-0.01	0.01	0.03	0.08	0.14	0.05	0.05	0.15	0.02
1332	OC102D12	unknown protein [Arabidopsis](AC004669)	0.00	-0.09	0.04	0.03	0.12	0.09	-0.03	0.12	-0.03
1333	OC102F02	hypothetical protein [Arabidopsis](AC016829)	0.03	-0.02	0.01	-0.01	0.03	0.09	0.00	0.04	-0.06
1334	OC102F04	similar to senescence-associated protein 5	0.11	0.21	0.06	-0.04	-0.15	-0.12	0.03	-0.10	-0.10
1335	OC102F06	40S ribosomal protein S19	0.11	0.21	0.01	0.12	0.03	-0.07	0.05	0.10	0.10
1336	OC102F08	60S ribosomal protein L37	0.05	0.07	-0.03	-0.01	-0.05	-0.07	0.03	-0.15	-0.09
1337	OC102F10	40S ribosomal protein S4	0.11	0.26	0.06	0.11	-0.02	-0.10	0.05	0.12	0.06
1338	OC102F12	unknown (ft gene product [Drosophila melanogaster])	0.06	0.01	0.05	0.04	-0.15	-0.03	0.02	0.04	-0.04
1339	OC102H02	histone H4	0.13	0.16	0.02	-0.06	-0.01	-0.08	0.05	0.10	-0.07
1340	OC102H04	similar to receptor-like protein kinase [Arabidopsis]	-0.06	-0.21	0.06	-0.10	0.00	-0.02	0.01	-0.33	-0.28
1341	OC102H06	unknown (ft gene product [Drosophila melanogaster])	0.06	0.01	0.02	0.04	-0.06	0.01	0.02	0.05	-0.07
1342	OC102H08	beta-glucosidase, chloroplast	0.25	0.13	0.29	0.08	-0.05	-0.20	-0.05	0.08	-0.03
1343	OC102H10	similar to 60S ribosomal protein L26	0.08	0.14	0.07	0.08	0.01	-0.02	0.03	0.10	0.04
1344	OC102H12	protein translocation complex sec61 gamma chain - dog	-0.06	-0.09	0.05	0.05	0.12	0.07	0.05	0.09	-0.06
1345	OD102B02	similar to anti-glycoprotein-B of human Cytomegalovirus	0.00	-0.09	-0.01	-0.03	0.04	0.02	0.03	-0.11	-0.18
1346	OD102B04	no hit rice EST	-0.16	-0.21	-0.05	-0.07	-0.01	0.01	0.02	-0.19	-0.24
1347	OD102B06	hypothetical protein [Arabidopsis]F27F5.22	0.01	-0.01	0.01	0.07	0.04	0.00	0.02	0.11	-0.01
1348	OD102B08	40S ribosomal protein S27	0.06	-0.01	0.18	0.03	0.02	-0.05	0.08	0.06	-0.10
1349	OD102B10	no hit rice EST	-0.14	-0.05	-0.37	-0.15	-0.05	-0.04	0.01	-0.19	-0.20
1350	OD102B12	unknown (human papillomavirus 18 E5)	-0.11	-0.15	-0.01	-0.04	0.01	0.03	0.00	-0.05	-0.15
1351	OD102D02	actin (isoform-X16280)	0.04	0.07	0.00	-0.01	-0.09	-0.06	0.00	0.05	-0.06
1352	OD102D04	homogentisate 1, 2-dioxygenase	-0.02	-0.09	0.08	-0.01	0.09	0.00	-0.01	-0.25	-0.25
1353	OD102D06	hypothetical protein [Arabidopsis]F27B13.30	-0.04	Flag	0.16	-0.01	0.01	-0.04	0.00	-0.16	-0.23
1354	OD102D08	ribosomal protein S8	0.08	0.17	-0.02	0.06	-0.04	-0.02	-0.01	0.09	0.03
1355	OD102D10	similar to C.elegans FAT-3 alcohol dehydrogenase [Homo sapiens]	0.06	0.11	0.10	0.04	0.03	0.00	0.00	0.04	-0.06
1356	OD102D12	similar to dJ522J7.2 (Z98885) [Oryza sativa]	0.03	0.02	0.08	0.00	0.04	0.02	0.02	0.05	-0.13
1357	OD102F02	similar to drought-induced protein Di19 [Arabidopsis]	0.01	-0.01	0.01	-0.02	0.06	0.07	0.01	0.05	-0.09
1358	OD102F04	putative protein [Arabidopsis](AL138655)	-0.04	Flag	-0.02	-0.08	0.00	-0.01	-0.03	-0.37	-0.24
1359	OD102F06	lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5) gloA - Escherichia coli	-0.14	-0.15	-0.09	-0.05	0.10	0.01	-0.06	-0.15	-0.10
1360	OD102F08	not annotated	-0.11	0.17	0.14	0.00	0.07	-0.08	0.05	-0.11	-0.15
1361	OD102F10	60S ribosomal protein L27	0.08	0.03	-0.04	0.00	-0.06	-0.02	0.04	0.11	0.04
1362	OD102F12	dnaK-type molecular chaperone hsp70	-0.15	0.01	-0.19	-0.09	-0.12	0.11	0.09	0.09	-0.09
1363	OD102H02	hypothetical protein [Arabidopsis]F25E4.30	-0.05	0.01	-0.02	0.00	0.05	0.09	0.07	0.12	-0.05
1364	OD102H04	40S ribosomal protein S5 (S2) (rp14) (YS8); Rps5p	-0.01	0.11	0.03	0.01	0.04	0.03	0.03	0.09	-0.04
1365	OD102H06	unknown (chromosome partitioning protein, ParB family - Deinococcus)	-0.09	-0.14	-0.02	-0.01	0.06	0.10	0.05	0.05	-0.12
1366	OD102H08	similar to the inosine monophosphate dehydrogenase[Methanopyrus kandleri]	-0.01	-0.08	-0.02	-0.01	0.07	-0.04	-0.05	-0.06	-0.11
1367	OD102H10	putative protein [Arabidopsis](AL162508)	-0.01	0.04	0.06	0.03	0.06	0.01	0.01	0.14	-0.02
1368	OD102H12	cycloartenol-C24-methyltransferase [Oryza sativa]	0.07	0.11	0.02	-0.03	-0.07	-0.09	-0.04	0.03	-0.06

1369	OD103B02	not annotated	-0.01	0.15	-0.07	0.09	0.09	0.05	-0.03	0.18	0.02
1370	OD103B04	hypothetical protein [Arabidopsis]OEP8 like protein	-0.09	-0.10	-0.04	-0.04	0.05	0.09	0.00	-0.02	-0.11
1371	OD103B06	not annotated	0.00	0.02	0.10	0.08	0.10	0.03	0.11	0.16	-0.02
1372	OD103B08	translation initiation factor GOS2 [Oryza sativa], eIF-1, SU11, nps45, Eif1	-0.04	0.00	0.04	0.13	0.11	0.12	0.11	0.14	-0.09
1373	OD103B10	not annotated	0.05	0.05	0.07	0.05	0.00	-0.02	0.05	0.11	-0.03
1374	OD103B12	beta-amylase enzyme Homologue [Oryza sativa]	-0.02	0.05	0.01	0.02	0.01	0.08	0.08	0.16	-0.04
1375	OD103D02	hypothetical protein [Oryza sativa], replicaes?	-0.02	-0.08	0.01	0.00	0.01	0.03	0.07	-0.01	-0.10
1376	OD103D04	not annotated	0.06	0.20	-0.04	0.04	-0.06	-0.02	0.02	0.13	0.00
1377	OD103D06	not annotated	0.03	0.00	0.01	0.03	0.01	0.00	0.00	0.07	-0.07
1378	OD103D08	Unknown (ref(2)P protein - fruit fly)	0.02	Flag	-0.03	0.00	-0.02	-0.03	0.00	-0.01	-0.08
1379	OD103D10	not annotated	-0.08	-0.02	-0.06	-0.03	0.15	0.10	0.19	0.14	-0.16
1380	OD103D12	not annotated	0.02	0.08	0.00	0.00	0.02	0.01	0.03	0.08	-0.08
1381	OD103F02	acetoacetyl CoA thiolase (acetyl coenzyme A acetyltransferase)	0.02	0.07	-0.02	-0.04	-0.02	0.00	-0.03	0.00	-0.07
1382	OD103F04	asparagine synthetase [Oryza sativa]	-0.03	-0.01	-0.03	-0.01	0.00	-0.01	-0.04	0.00	-0.05
1383	OD103F06	unknown (MYB-related transcription factor (CCA1))	-0.07	-0.05	-0.05	-0.01	0.07	0.05	-0.01	-0.02	-0.14
1384	OD103F08	not annotated	-0.02	-0.01	-0.07	0.08	-0.01	0.03	0.02	0.03	0.06
1385	OD103F10	not annotated	0.04	-0.01	-0.07	-0.15	-0.15	-0.15	-0.03	0.08	-0.05
1386	OD103F12	translation initiation factor 3 eIF3 p44 subunit [Homo sapiens]	0.01	-0.07	-0.01	-0.10	-0.04	-0.04	0.00	-0.15	-0.23
1387	OD103H02	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.00	0.10	-0.03	0.07	0.06	0.05	0.04	0.17	0.06
1388	OD103H04	DNA-binding protein 2 [Nicotiana tabacum]	0.00	-0.12	-0.07	-0.03	-0.08	-0.02	0.00	-0.06	-0.10
1389	OD103H06	reversibly glycosylated polypeptide [Oryza sativa]	0.10	0.16	0.00	0.05	0.00	0.00	0.01	0.15	-0.01
1390	OD103H08	not annotated	0.03	Flag	0.01	0.05	-0.04	Flag	-0.07	0.07	0.00
1391	OD103H10	not annotated	0.15	0.25	0.03	0.08	-0.04	-0.07	-0.03	0.14	0.04
1392	OD103H12	not annotated	0.04	0.06	0.04	0.01	-0.04	0.06	-0.01	0.08	-0.06
1393	OCP06B02	40S ribosomal protein S8	0.08	0.22	-0.07	0.02	-0.05	-0.03	-0.05	0.03	-0.03
1394	OCP06B04	DNA-directed RNA polymerase (EC 2.7.7.6) II chain RPB10	-0.08	-0.04	-0.01	0.02	0.07	0.03	0.00	0.00	-0.11
1395	OCP06B06	not annotated	-0.09	Flag	-0.11	-0.10	0.04	0.03	-0.03	-0.15	-0.15
1396	OCP06B08	similar to RNA-binding protein-like [Arabidopsis]	-0.02	-0.17	-0.05	-0.09	-0.05	0.00	-0.04	-0.09	-0.12
1397	OCP06B10	similar to pseudothionin St1 precursor - potato (strain cv. Bintje)(proteinase inhibitor)	0.05	0.04	-0.03	-0.17	-0.15	-0.24	0.00	0.00	-0.09
1398	OCP06B12	not annotated	0.08	-0.03	-0.01	-0.15	-0.02	0.00	-0.03	0.08	0.03
1399	OCP06D02	not annotated	0.00	-0.01	0.04	0.00	-0.01	0.03	0.01	0.04	-0.14
1400	OCP06D04	not annotated	-0.02	-0.04	-0.09	-0.06	0.00	-0.02	-0.06	-0.09	-0.11
1401	OCP06D06	60S ribosomal protein L12	0.08	0.08	0.06	0.04	-0.04	0.00	0.03	0.08	0.01
1402	OCP06D08	60S ribosomal protein L13A	0.09	0.06	0.04	0.01	-0.02	-0.05	0.00	0.05	-0.01
1403	OCP06D10	not annotated	0.06	0.03	0.01	-0.01	-0.03	-0.02	-0.05	0.07	0.00
1404	OCP06D12	hin1 protein - common tobacco	0.08	0.13	0.09	0.05	0.05	0.06	0.03	0.26	0.07
1405	OCP06F02	ESTs AU029348(E30206),C74035(E30206) correspond to a region of the predicted gene.; Similar to lipase [Oryza sativa]	0.06	Flag	-0.02	-0.12	-0.01	0.01	-0.02	-0.15	-0.20
1406	OCP06F04	not annotated	-0.04	-0.11	-0.01	0.01	0.09	0.09	0.01	0.03	-0.14
1407	OCP06F06	Nramp1 protein - rice	-0.24	-0.17	-0.25	-0.09	-0.01	0.08	-0.03	-0.05	-0.15
1408	OCP06F08	leucine rich repeat containing protein kinase [Oryza sativa]	-0.06	Flag	0.00	-0.14	-0.03	0.08	0.02	-0.36	-0.27
1409	OCP06F10	histone H1	-0.05	-0.01	-0.04	0.00	0.01	0.04	0.00	0.11	-0.09
1410	OCP06F12	similar to DCL protein precursor, chloroplast - tomato	0.04	-0.28	-0.09	-0.27	-0.15	-0.22	-0.02	0.08	-0.09
1411	OCP06H02	40S ribosomal protein S4	0.12	0.18	0.04	0.06	-0.02	-0.11	0.02	0.08	-0.01
1412	OCP06H04	not annotated	-0.09	Flag	0.02	0.05	Flag	0.03	0.01	0.04	-0.07
1413	OCP06H06	40S ribosomal protein S4	0.10	0.16	-0.11	0.02	-0.05	-0.03	0.00	0.10	0.00
1414	OCP06H08	60S ribosomal protein L38	0.07	0.12	0.01	0.02	-0.05	-0.03	0.01	0.05	0.01
1415	OCP06H10	10 kDa chaperonin [Arabidopsis]	0.00	-0.05	-0.12	-0.11	-0.12	-0.02	0.00	-0.12	-0.01
1416	OCP06H12	unknown protein [Arabidopsis](AC006283)	0.09	0.15	0.02	0.01	-0.04	-0.04	0.00	0.09	0.08
1417	OE105B02	ubiquitin-conjugating enzyme E2 [Homo sapiens]	-0.01	0.05	0.03	0.09	0.12	0.08	0.01	0.12	-0.04

1418	OE105B04	similar to (FKBP-rapamycin-associated protein FRAP [Mus musculus])	-0.02	0.00	0.02	-0.07	0.10	0.01	-0.03	0.08	-0.16
1419	OE105B06	not annotated	-0.01	0.14	0.01	-0.04	0.07	-0.02	-0.03	-0.03	-0.07
1420	OE105B08	probable transcription activator - rice	0.02	-0.03	0.04	0.00	0.10	0.06	0.07	0.18	-0.03
1421	OE105B10	40S ribosomal protein S4	0.13	0.21	0.03	0.06	-0.01	-0.09	0.01	0.09	0.02
1422	OE105B12	hypothetical protein [Arabidopsis] T8K22.5 (putative reverse transcriptase)	0.01	-0.04	0.02	0.00	0.02	-0.01	0.06	0.15	-0.09
1423	OE105D02	not annotated	0.02	0.06	0.01	-0.02	-0.14	-0.04	-0.02	0.05	-0.07
1424	OE105D04	similar to F27J15.9 [Arabidopsis]	-0.05	-0.01	0.00	0.06	0.05	0.08	0.05	0.15	-0.04
1425	OE105D06	40S ribosomal protein S3a	0.02	0.11	-0.06	-0.03	-0.08	-0.09	-0.01	-0.05	0.00
1426	OE105D08	hypothetical protein [Arabidopsis]F8F16.150	-0.03	0.01	-0.06	-0.12	0.02	0.03	0.03	-0.12	-0.19
1427	OE105D10	Osr40c1 ABA and salt responsive (contig OE202B01)	0.06	0.05	0.45	0.31	0.22	-0.02	0.07	0.41	0.38
1428	OE105D12	not annotated	-0.08	-0.17	-0.14	-0.17	-0.08	-0.05	-0.06	-0.24	-0.11
1429	OE105F02	not annotated	0.02	-0.12	-0.09	-0.14	-0.03	0.02	0.00	0.03	-0.08
1430	OE105F04	not annotated	-0.03	-0.05	-0.07	-0.08	0.01	-0.01	-0.09	0.01	-0.08
1431	OE105F06	not annotated	0.05	-0.01	-0.04	-0.05	0.00	0.03	-0.06	0.16	-0.04
1432	OE105F08	beta-glucosidase homolog	-0.15	-0.29	0.10	0.20	0.08	0.10	-0.09	0.18	0.05
1433	OE105F10	hypothetical protein [Oryza sativa](AP002481)	-0.10	0.00	-0.03	0.00	-0.04	0.04	0.04	-0.09	-0.13
1434	OE105F12	not annotated	0.04	-0.01	0.00	0.02	-0.01	0.03	0.02	0.08	-0.06
1435	OE105H02	not annotated	-0.01	Flag	-0.17	-0.09	-0.07	Flag	0.04	0.19	0.00
1436	OE105H04	not annotated	0.00	0.01	0.03	-0.05	-0.02	0.05	0.03	0.09	-0.08
1437	OE105H06	not annotated	-0.23	-0.38	-0.14	-0.30	-0.03	-0.04	-0.05	-0.60	-0.52
1438	OE105H08	MYB-related transcription factor-like protein	-0.02	0.03	-0.22	-0.20	-0.08	-0.12	0.00	0.01	-0.11
1439	OE105H10	hypothetical protein [Arabidopsis](H71409)	-0.06	-0.25	-0.07	-0.18	-0.12	0.01	-0.11	-0.06	-0.06
1440	OE105H12	GF14-6 protein - maize	-0.03	-0.14	-0.02	-0.11	-0.10	-0.05	-0.02	-0.07	-0.18
1441	OC104B02	40S ribosomal protein S3a	0.10	0.26	0.01	0.11	0.01	-0.05	0.01	0.19	0.09
1442	OC104B04	not annotated	-0.05	-0.14	0.00	-0.02	0.08	0.14	0.06	0.11	-0.08
1443	OC104B06	histone H3	0.12	0.17	0.13	0.00	-0.02	0.04	0.04	0.22	0.05
1444	OC104B08	not annotated	-0.03	-0.15	-0.03	-0.12	-0.06	-0.03	0.00	-0.04	-0.19
1445	OC104B10	dnaK-type molecular chaperone hsp70 - rice	-0.21	0.03	-0.16	-0.07	-0.10	0.16	0.09	0.05	-0.07
1446	OC104B12	60S ribosome protein L19	0.16	0.18	0.01	0.07	-0.03	-0.09	-0.02	0.13	0.05
1447	OC104D02	not annotated	-0.02	0.05	-0.05	0.11	0.06	0.06	0.08	0.15	0.04
1448	OC104D04	not annotated	0.04	0.13	0.01	0.06	-0.04	0.00	0.06	0.13	0.02
1449	OC104D06	unknown protein [Arabidopsis](AC018721)	0.00	-0.02	0.10	-0.09	-0.02	-0.03	0.01	-0.24	-0.26
1450	OC104D08	unknown protein [Arabidopsis](AC007659)	-0.01	0.02	0.01	0.03	0.06	0.08	0.03	0.10	-0.04
1451	OC104D10	NADH:ubiquinone oxidoreductase	0.01	0.00	-0.01	0.04	0.00	0.04	0.02	0.06	-0.03
1452	OC104D12	histone H2B	0.05	0.10	0.03	-0.09	-0.09	0.00	-0.02	0.02	-0.13
1453	OC104F02	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic	-0.11	-0.13	0.04	-0.14	0.09	0.08	0.00	0.06	-0.15
1454	OC104F04	60S ribosomal protein L18	0.07	0.22	0.05	0.08	0.00	-0.03	0.02	0.11	0.05
1455	OC104F06	60S ribosomal protein L37A	0.10	0.14	0.00	0.08	0.04	-0.03	0.01	0.09	0.06
1456	OC104F08	small nuclear ribonucleoprotein D1 polypeptide (16kD) Human, Yeast	0.00	0.08	0.03	0.00	0.02	0.00	0.00	-0.09	-0.12
1457	OC104F10	60S acidic ribosomal protein PO	0.13	0.24	-0.03	0.03	-0.04	-0.09	-0.06	0.06	0.06
1458	OC104F12	40S ribosomal protein S8	0.10	0.25	-0.04	0.08	-0.06	-0.05	0.00	0.03	0.03
1459	OC104H02	late embryogenesis-like protein [Prunus armeniaca]	-0.05	0.08	0.12	0.15	0.00	0.08	0.08	0.29	0.09
1460	OC104H04	not annotated	-0.01	0.06	0.00	-0.03	-0.06	-0.03	0.03	0.03	-0.08
1461	OC104H06	GTP-binding protein - maize	0.03	0.11	0.14	0.10	0.00	0.04	0.08	0.26	0.05
1462	OC104H08	not annotated	-0.04	-0.07	0.03	0.05	0.09	0.09	0.06	0.19	0.00
1463	OC104H10	40S ribosomal protein S9	0.11	0.28	0.00	0.08	-0.19	-0.14	-0.04	0.09	0.12
1464	OC104H12	water channel protein (WCP-I)	-0.19	-0.32	0.03	-0.05	0.08	0.36	0.10	0.10	-0.10
1465	OC101B02	S-adenosyl-L-methionine synthetase, identical to Z29867	0.06	-0.03	0.10	-0.05	-0.07	0.05	0.00	0.16	-0.03
1466	OC101B04	water channel protein (WCP-II)	-0.06	-0.12	0.03	-0.04	0.00	0.11	0.03	0.13	-0.15
1467	OC101B06	60S ribosomal protein L17	-0.02	0.09	-0.02	0.05	0.03	0.03	0.03	0.10	-0.02
1468	OC101B08	pyrophosphate-dependent phosphofructokinase beta subunit	-0.07	-0.08	-0.03	-0.08	-0.02	-0.03	-0.07	-0.23	-0.20
1469	OC101B10	26S proteasome ATPase subunit	-0.03	0.02	0.03	0.05	0.06	0.05	-0.04	0.10	-0.02
1470	OC101B12	hypothetical protein [Arabidopsis]F25I24.60	-0.02	-0.01	0.00	-0.04	-0.06	0.01	0.01	-0.04	-0.12
1471	OC101D02	unknown, rice EST	0.05	0.02	0.07	0.06	-0.03	-0.01	0.01	0.14	0.10
1472	OC101D04	ubiquitin / ribosomal protein CEP52 - rice	-0.03	-0.02	0.00	-0.03	0.07	0.06	0.10	0.07	-0.11
1473	OC101D06	40S ribosomal protein S7	0.16	0.26	0.00	0.06	0.05	-0.09	-0.06	0.12	0.06

1474	OC101D08	60S ribosomal protein L27a	0.03	0.02	0.06	0.03	0.01	-0.01	0.02	0.03	-0.01
1475	OC101D10	40S ribosomal protein S29	0.04	0.06	0.02	0.03	0.04	0.05	0.02	0.19	-0.04
1476	OC101D12	histone H4	0.05	0.10	0.03	-0.09	-0.01	-0.01	-0.01	0.00	-0.14
1477	OC101F02	60S ribosomal protein L13a	0.07	0.17	0.06	0.04	0.03	0.00	-0.01	0.08	0.04
1478	OC101F04	putative integral membrane protein [Campylobacter]	0.03	0.09	0.07	0.03	-0.01	0.03	0.00	0.07	-0.03
1479	OC101F06	not annotated	0.03	0.10	0.02	0.01	0.06	0.02	-0.02	0.06	-0.03
1480	OC101F08	RNA helicase DB10-ATP-dependent	-0.08	-0.02	-0.02	-0.01	0.02	0.08	-0.04	0.06	-0.15
1481	OC101F10	not annotated	-0.07	-0.11	0.00	-0.07	-0.04	0.03	-0.05	-0.26	-0.11
1482	OC101F12	GTP-binding regulatory protein beta chain, protein RWD rice	0.00	0.06	0.02	-0.02	0.01	0.02	0.01	-0.06	-0.06
1483	OC101H02	GTP-binding protein, RAS related protein	0.05	0.11	0.07	0.06	0.01	0.06	0.05	0.13	0.01
1484	OC101H04	60S ribosomal protein L1 or L4	0.01	0.08	0.00	0.03	-0.02	-0.03	0.00	-0.06	-0.05
1485	OC101H06	cysteine proteinase (EC 3.4.22.-) precursor	-0.01	-0.02	0.04	0.05	0.09	0.10	0.06	0.18	-0.01
1486	OC101H08	dnaK-type molecular chaperone HSC70-11, mitochondrial - spinach	-0.06	-0.03	-0.07	-0.01	0.05	0.08	0.00	-0.05	-0.03
1487	OC101H10	histone H2B	0.08	0.10	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02	0.11	-0.03
1488	OC101H12	60S acidic ribosomal protein PO	0.00	0.06	0.06	-0.01	-0.08	-0.02	-0.03	-0.05	-0.10
1489	OE06B02	putative transcription factor (AF062894)	0.03	0.08	-0.15	-0.09	-0.04	-0.10	-0.04	-0.02	-0.10
1490	OE06B04	vacuolar sorting protein VPS31	0.02	0.05	0.00	0.00	0.03	0.02	-0.01	0.05	-0.01
1491	OE06B06	Sc11 protein [Oryza sativa]	-0.10	-0.16	-0.07	-0.20	-0.04	-0.02	-0.05	-0.31	-0.30
1492	OE06B08	calnexin	0.06	0.04	-0.03	0.05	-0.01	0.06	-0.10	0.15	0.08
1493	OE06B10	putative DNA-binding protein, Arabi	-0.08	-0.12	0.02	-0.07	0.06	0.06	-0.06	-0.30	-0.24
1494	OE06B12	contains similarity to phosphoenolpyruvate synthase	0.06	0.06	0.05	0.01	-0.01	-0.01	-0.05	0.06	-0.02
1495	OE06D02	unknown (putative reverse transcriptase [Anopheles gambiae])	-0.06	-0.11	-0.08	-0.05	0.02	0.04	0.01	-0.02	-0.13
1496	OE06D04	unknown (bacterial ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase large subunit)	-0.01	-0.02	-0.02	-0.02	0.00	0.00	-0.03	0.05	-0.08
1497	OE06D06	late embryogenesis abundant protein [Picea glauca] from riceEST	-0.06	-0.06	0.02	0.00	0.06	0.07	0.09	0.06	-0.10
1498	OE06D08	no hit no EST	0.03	-0.05	0.06	0.00	-0.01	0.05	0.03	0.08	-0.02
1499	OE06D10	DNA topoisomerase I (From EST)	-0.01	-0.12	-0.01	-0.08	-0.02	-0.02	0.00	-0.15	-0.14
1500	OE06D12	unknown (pyrophosphatase [Homo sapiens])from EST	0.03	-0.03	-0.01	-0.03	-0.04	-0.01	0.02	0.00	-0.10
1501	OE06F02	mitochondrial phosphate transporter	-0.02	-0.05	-0.07	-0.07	-0.02	0.02	0.01	0.00	-0.06
1502	OE06F04	S-adenosyl-L-methionine synthetase, pOS-SAMS2 [Oryza sativa]	0.10	0.05	-0.05	-0.29	-0.36	-0.17	-0.05	-0.04	-0.12
1503	OE06F06	nucleoside diphosphate kinase (NDPK-1)	0.04	0.16	0.07	0.04	-0.09	-0.03	0.03	0.10	0.04
1504	OE06F08	50S ribosome L27 fromEST	0.00	0.05	-0.04	0.01	-0.01	0.03	-0.01	0.08	0.00
1505	OE06F10	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine S-methyltransferase	0.05	0.08	0.04	-0.09	0.03	-0.06	-0.07	-0.02	-0.06
1506	OE06F12	similar to tgacg-specific DNA-binding protein (AC002409)	0.06	0.08	0.00	0.03	0.03	0.03	-0.01	0.05	-0.03
1507	OE06H02	unknown (beta-N-acetylhexosaminidase (EC 3.2.1.52) alpha chain)	0.00	0.00	-0.01	0.00	0.03	0.05	-0.01	0.06	-0.12
1508	OE06H04	similar to signal recognition particle 68kD-gray wolf	-0.12	-0.21	-0.07	-0.14	-0.06	0.00	0.00	-0.22	-0.21
1509	OE06H06	Similar to zinc finger (U41026)	0.11	0.16	-0.01	-0.03	-0.03	-0.10	0.01	0.08	-0.06
1510	OE06H08	40S ribosomal protein S31	0.06	0.07	-0.03	0.10	-0.11	0.00	0.05	0.21	0.12
1511	OE06H10	similar to H-ATPase [Oryza sativa]	0.02	0.12	0.04	0.08	0.03	0.01	0.03	0.15	-0.01
1512	OE06H12	unknown protein [Arabidopsis](AC006418) from EST	0.07	0.11	0.17	0.10	0.08	0.01	0.06	0.25	0.05
1513	OC04B02	glutathione S-transferase II [Oryza sativa]	0.14	-0.04	0.12	-0.05	0.01	0.00	-0.08	0.07	0.06
1514	OC04B04	putative alanine acetyl transferase [Arabidopsis]	-0.10	-0.28	-0.08	-0.16	0.02	0.05	0.03	-0.24	-0.24
1515	OC04B06	trp repressor binding protein [Escherichia coli]	0.01	0.01	-0.05	-0.04	-0.12	0.05	0.01	0.15	-0.02
1516	OC04B08	thaumatin-like protein [Arabidopsis]	-0.06	-0.10	0.00	0.00	-0.02	0.08	0.02	-0.14	-0.21
1517	OC04B10	40S ribosomal protein S14	0.08	0.21	-0.02	0.05	-0.03	-0.03	0.04	0.13	0.03
1518	OC04B12	not annotated	-0.09	-0.17	-0.06	-0.11	0.01	0.03	-0.01	-0.21	-0.24
1519	OC04D02	N-acyl-D-mannosamine dehydrogenase [Flavobacterium sp.]	0.04	0.08	0.00	0.02	0.03	0.06	0.03	0.07	-0.05
1520	OC04D04	unknown (FTZ-F1 protein - fruit fly)	0.05	0.04	-0.03	0.02	-0.03	0.03	0.05	0.10	-0.01
1521	OC04D06	not annotated	-0.09	-0.21	-0.11	-0.27	-0.08	-0.05	0.00	-0.41	-0.39
1522	OC04D08	histone H3.3	0.03	0.09	0.13	0.01	0.01	0.05	0.07	0.26	0.05

1523	OC04D10	cyclin [Oryza sativa]	0.15	0.11	0.09	-0.09	-0.12	-0.12	0.00	0.09	-0.10
1524	OC04D12	dihydrolipoamide dehydrogenase [Synechocystis sp.]	0.11	0.04	0.16	0.00	-0.09	-0.04	-0.04	0.14	0.05
1525	OC04F02	RING finger protein [Homo sapiens]	-0.05	-0.11	0.07	0.00	0.01	0.03	0.03	-0.09	-0.13
1526	OC04F04	no hit rice EST	-0.18	-0.40	0.01	-0.27	-0.05	-0.05	-0.04	-0.43	-0.46
1527	OC04F06	60S ribosomal protein L35a	0.09	0.16	0.02	-0.03	-0.09	-0.02	-0.03	0.06	-0.03
1528	OC04F08	thioredoxin h [Oryza sativa]	-0.11	-0.07	0.12	0.20	0.07	0.09	0.08	0.04	0.06
1529	OC04F10	hypothetical protein [Arabidopsis] A_TM018A10.10	-0.12	-0.15	0.01	-0.01	-0.01	0.01	-0.04	-0.11	-0.19
1530	OC04F12	unknown protein [Arabidopsis](AC005499)	-0.11	-0.19	-0.01	0.00	0.05	0.01	-0.01	-0.13	-0.17
1531	OC04H02	60S ribosomal protein L23, L17, L14 Yeast	0.11	0.16	-0.07	0.00	-0.07	-0.05	-0.05	0.05	0.02
1532	OC04H04	transcriptional activator SPO8 [S. cerevisiae]	0.04	0.01	0.00	0.06	0.03	0.03	0.00	0.15	-0.04
1533	OC04H06	histone H2B	0.03	0.06	-0.01	-0.02	0.00	0.08	0.05	0.05	-0.09
1534	OC04H08	ketol-acid reductoisomerase (KAR-1)	-0.14	0.06	-0.20	-0.07	0.20	0.26	0.00	0.10	-0.16
1535	OC04H10	unknown (contains Zinc finger (C3HC4) ring finger motif) [Arabidopsis]	-0.14	0.15	0.17	0.15	0.17	0.10	0.21	0.32	0.00
1536	OC04H12	no hit no EST	0.18	0.11	0.00	-0.07	-0.07	-0.09	-0.02	0.05	-0.11
1537	OC01B02	not annotated	0.07	0.03	-0.01	-0.06	-0.14	-0.03	-0.05	0.11	0.04
1538	OC01B04	chloroplast import-associated channel	0.01	0.05	-0.01	-0.07	-0.11	0.00	0.00	0.05	-0.08
1539	OC01B06	glycine-serine rich protein-(2), contig ID430-1112-446	0.32	0.18	0.09	-0.15	-0.22	0.00	-0.08	-0.19	-0.26
1540	OC01B08	unknown (MOUSE IG HEAVY CHAIN V REGION 145 PRECURSOR)	-0.03	-0.02	0.05	-0.03	0.00	0.02	0.03	-0.04	-0.16
1541	OC01B10	OsGRP2 oryza	0.05	0.06	-0.04	0.10	-0.03	0.01	0.00	0.09	0.06
1542	OC01B12	not annotated	-0.05	0.01	-0.06	-0.03	0.00	0.10	0.03	0.08	-0.14
1543	OC01D02	40S ribosomal protein S10	0.10	0.24	-0.07	-0.02	-0.07	-0.03	-0.05	-0.02	-0.03
1544	OC01D04	no hit from EST	0.08	0.05	0.11	0.03	-0.03	-0.01	0.05	0.17	-0.02
1545	OC01D06	low temperature and salt responsive protein LTI6B	0.02	-0.10	0.27	0.00	-0.06	-0.04	0.12	0.09	-0.07
1546	OC01D08	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine S-methyltransferase	0.08	0.02	0.05	-0.06	-0.01	-0.02	-0.05	0.00	-0.06
1547	OC01D10	possible apospory-associated protein from EST	0.02	-0.01	0.00	-0.03	-0.05	0.02	-0.01	0.08	-0.11
1548	OC01D12	high mobility group protein (HMGP-1, contig ID1045))	0.02	0.02	0.00	0.03	-0.12	0.02	-0.03	0.05	-0.17
1549	OC01F02	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.06	-0.08	-0.07	-0.21	-0.17	-0.08	-0.03	0.05	-0.10
1550	OC01F04	no hit from EST	0.00	-0.01	0.07	0.00	0.00	0.03	-0.05	0.06	-0.12
1551	OC01F06	40S ribosomal protein S12	0.03	0.09	0.01	0.04	0.00	0.05	0.02	0.06	-0.01
1552	OC01F08	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.03	0.02	-0.04	-0.21	-0.15	Flag	-0.03	-0.02	-0.12
1553	OC01F10	hexose transporter	0.03	0.03	0.08	0.13	0.08	0.09	0.07	0.19	0.03
1554	OC01F12	not annotated	-0.01	-0.02	0.01	0.04	0.06	0.05	0.00	0.02	-0.05
1555	OC01H02	fibrillar-like protein Arabi	0.03	0.06	-0.01	0.05	0.05	0.04	-0.01	0.01	-0.06
1556	OC01H04	not annotated	0.00	0.08	-0.01	0.04	-0.11	0.00	-0.03	0.00	-0.05
1557	OC01H06	not annotated	-0.01	0.11	0.00	0.05	0.06	0.06	0.12	0.02	0.02
1558	OC01H08	no hit no EST	-0.04	-0.07	-0.11	0.02	-0.06	0.03	-0.01	0.08	-0.04
1559	OC01H10	unknown protein [Arabidopsis]A_IG002P16.18 gene product	-0.06	-0.23	-0.05	-0.20	-0.05	0.00	-0.04	-0.28	-0.30
1560	OC01H12	unknown (U58757)	-0.03	-0.06	-0.01	-0.02	0.00	0.00	-0.03	-0.01	-0.21
1561	OE202B02	no hit no EST	0.07	0.03	0.02	-0.07	-0.07	0.00	0.01	-0.07	-0.14
1562	OE202B04	unknown (sugar transporter [Arabidopsis])	0.00	-0.12	-0.01	-0.02	-0.01	0.03	-0.04	0.08	-0.11
1563	OE202B06	60S acidic ribosomal protein P2a-3	-0.02	-0.05	0.03	-0.05	0.00	0.05	0.00	0.00	-0.17
1564	OE202B08	unknown (beta-adaptin-like protein A [Arabidopsis])	0.01	0.03	-0.02	0.01	-0.06	0.02	-0.03	0.03	-0.15
1565	OE202B10	unknown (adenylate cyclase (EC 4.6.1.1))	-0.02	-0.16	-0.04	-0.13	-0.03	0.02	-0.03	-0.11	-0.21
1566	OE202B12	hypothetical protein [Arabidopsis]F23F1.8	0.02	0.03	0.00	0.01	0.00	0.03	-0.02	0.05	-0.03
1567	OE202D02	NADP-specific isocitrate dehydrogenase [Oryza sativa]	0.08	0.10	0.06	0.03	-0.08	-0.04	-0.05	0.11	0.03
1568	OE202D04	no hit rice EST	-0.11	-0.25	-0.02	-0.12	-0.03	0.00	0.00	-0.20	-0.14
1569	OE202D06	60S ribosomal protein L5	0.00	0.10	-0.04	-0.04	-0.11	-0.09	-0.05	-0.09	-0.05
1570	OE202D08	no hit rice EST	-0.05	0.03	-0.23	-0.05	-0.04	0.01	-0.06	-0.05	-0.14
1571	OE202D10	hypothetical protein [Arabidopsis]F9L1.16	-0.01	-0.06	-0.07	0.00	0.03	0.03	0.00	-0.03	-0.13
1572	OE202D12	hypothetical protein [Arabidopsis]F7K2.140	0.01	0.01	0.07	0.01	0.00	0.03	0.02	0.15	-0.05
1573	OE202F02	similar to transferrin [Sus scrofa]	-0.02	-0.01	0.04	0.04	0.00	0.05	0.02	-0.02	-0.11
1574	OE202F04	similar to transferrin [Sus scrofa]	-0.02	0.03	0.04	0.05	0.02	0.01	0.01	0.06	-0.12

1630	OE04H08	unknown (serpin)	-0.01	-0.12	0.05	0.18	0.09	0.05	-0.11	0.16	Flag
1631	OE04H10	40S ribosomal protein S3	-0.10	Flag	-0.03	-0.03	0.00	0.15	0.00	0.08	-0.19
1632	OE04H12	putative glucan synthase component	0.00	0.07	0.06	0.06	0.01	0.04	-0.03	0.23	0.03
1633	OC02B02	hypothetical protein [Arabidopsis](AC006532)	-0.05	-0.03	-0.11	-0.09	-0.04	0.03	-0.04	-0.06	-0.17
1634	OC02B04	no hit from EST	0.01	0.09	0.01	0.03	-0.09	0.00	-0.08	0.06	-0.13
1635	OC02B06	putative protein [Arabidopsis](AF118223)	0.01	-0.03	0.00	0.03	0.03	0.06	0.00	0.07	-0.20
1636	OC02B08	no hit from EST	0.02	0.00	-0.07	-0.05	-0.15	0.00	-0.06	0.00	0.00
1637	OC02B10	no hit no EST	Flag	Flag	0.05	-0.04	-0.15	0.00	0.00	0.05	-0.16
1638	OC02B12	not annotated	-0.07	-0.04	0.02	0.05	0.08	0.12	-0.01	0.11	-0.16
1639	OC02D02	unknown (neuropeptide AnthoRFamide - sea pansy (Renilla koellikeri))	-0.04	0.02	0.04	-0.06	-0.04	0.04	-0.06	0.00	-0.17
1640	OC02D04	unknown (hook-containing protein ATI - rice)	-0.17	-0.32	-0.14	-0.40	-0.10	-0.04	-0.09	-0.49	-0.55
1641	OC02D06	unknown (32 KD HEAT SHOCK PROTEIN (4-1 PROTEIN))	-0.05	-0.10	0.01	-0.05	0.08	0.06	-0.01	0.05	-0.13
1642	OC02D08	60S ribosomal protein L10-1 or putative tumor suppressor	0.01	0.11	0.00	-0.02	-0.02	0.00	-0.02	0.00	Flag
1643	OC02D10	60S ribosomal protein L7A	0.11	0.18	0.04	0.06	0.05	-0.02	-0.02	0.10	0.04
1644	OC02D12	similar to tripeptidyl-peptidase II	0.03	0.07	0.00	0.04	-0.07	0.00	-0.05	0.05	-0.12
1645	OC02F02	alpha-tubulin [Oryza sativa]	0.05	-0.05	-0.09	-0.23	-0.17	-0.15	-0.10	0.01	-0.11
1646	OC02F04	cationic peroxidase Oryza	0.02	0.14	0.11	0.11	0.11	0.09	0.10	0.24	-0.15
1647	OC02F06	putative protein [Arabidopsis](AL078464)	0.08	0.15	0.02	0.04	-0.01	0.02	0.00	0.07	-0.26
1648	OC02F08	hypothetical protein [Arabidopsis]F23M19.3	-0.05	0.05	0.03	0.11	0.10	0.10	-0.11	0.11	-0.16
1649	OC02F10	adenine phosphoribosyltransferase form 3	-0.02	Flag	Flag	-0.03	-0.04	0.00	Flag	Flag	Flag
1650	OC02F12	TBP-associated factor 174	Flag	Flag	-0.06	-0.06	-0.04	-0.01	-0.04	0.10	-0.16
1651	OC02H02	fibrillarlin	-0.14	-0.09	-0.11	-0.21	-0.04	0.01	-0.09	-0.39	-0.34
1652	OC02H04	no hit no EST	-0.11	-0.29	-0.01	-0.17	0.00	-0.03	-0.04	-0.38	-0.36
1653	OC02H06	not annotated	-0.01	-0.04	-0.02	-0.06	0.00	0.03	-0.08	-0.05	-0.15
1654	OC02H08	auxin response factor 3	0.05	0.09	0.08	-0.01	0.06	0.05	-0.03	0.09	Flag
1655	OC02H10	phenylalanine ammonia-lyase	0.15	-0.03	0.00	-0.15	-0.06	0.02	-0.04	-0.06	-0.26
1656	OC02H12	hypothetical protein [H. sapiens] (AL133034)	-0.12	-0.11	-0.17	-0.12	0.00	0.00	0.00	-0.16	-0.21
1657	OC05B02	60S ribosomal protein L30	0.11	0.06	-0.01	0.00	-0.02	0.00	-0.01	-0.07	-0.10
1658	OC05B04	aconitate hydratase-cytoplasmic	0.00	0.03	0.02	0.02	0.09	0.07	-0.06	0.11	0.00
1659	OC05B06	not annotated	-0.07	-0.06	0.02	-0.01	0.00	0.06	0.00	-0.01	-0.15
1660	OC05B08	protein phosphatase-2C [Mesembryanthemum crystallinum]	-0.08	-0.16	-0.02	-0.12	-0.07	0.04	-0.01	0.06	-0.24
1661	OC05B10	60S ribosomal protein L3	0.04	0.13	-0.03	0.00	-0.02	0.00	-0.01	0.02	-0.10
1662	OC05B12	tyrosine kinase (EC 2.7.1.112) 2 - slime mold	-0.05	0.08	-0.08	-0.10	-0.06	-0.01	-0.03	-0.06	-0.26
1663	OC05D02	T complex protein [Cucumis sativus]	-0.04	0.16	-0.09	-0.11	-0.08	Flag	-0.11	0.00	-0.07
1664	OC05D04	hypothetical protein B0024.14 - C. elegans	-0.06	-0.05	-0.03	0.00	0.01	Flag	-0.07	0.02	-0.19
1665	OC05D06	unknown (CG3599 gene product [Drosophila melanogaster])	Flag	-0.17	0.00	-0.04	Flag	Flag	0.01	0.06	-0.19
1666	OC05D08	topoisomerase (DNA) II binding protein [Homo sapiens]	-0.10	-0.12	-0.06	-0.10	0.04	0.00	-0.07	-0.28	-0.28
1667	OC05D10	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit [Homo sapiens]	-0.03	-0.10	-0.01	-0.02	0.00	0.00	-0.05	-0.08	-0.09
1668	OC05D12	unknown (fatty acid synthetase alpha subunit [Schizosaccharomyces])	-0.05	-0.13	-0.02	0.08	0.08	0.12	0.02	0.10	-0.20
1669	OC05F02	60S ribosomal protein L37A	-0.01	0.06	-0.02	0.10	0.07	0.07	-0.01	0.05	-0.02
1670	OC05F04	triosephosphate isomerase (TRP-2)	-0.02	-0.11	-0.06	-0.03	-0.01	0.03	-0.05	0.01	-0.12
1671	OC05F06	hypothetical protein [Oryza sativa](AP001383)	-0.04	-0.14	0.04	0.01	0.06	0.12	Flag	Flag	Flag
1672	OC05F08	unknown (env polyprotein [Human immunodeficiency virus type 1])	-0.14	-0.33	-0.10	-0.28	-0.05	-0.02	-0.02	-0.37	-0.36
1673	OC05F10	unknown protein [Arabidopsis](AC009325)	-0.07	-0.04	-0.07	0.03	-0.06	0.05	-0.03	0.12	Flag
1674	OC05F12	hypothetical protein [Homo sapiens] (AL137291)	-0.01	0.06	-0.01	0.03	-0.03	0.06	-0.05	0.09	-0.19
1675	OC05H02	no hit rice EST	0.09	0.14	Flag	-0.14	-0.17	Flag	Flag	Flag	Flag
1676	OC05H04	not annotated	Flag	0.00	Flag	0.00	-0.01	Flag	Flag	Flag	Flag
1677	OC05H06	not annotated	-0.06	-0.03	-0.05	0.05	0.07	0.06	-0.06	0.08	-0.17
1678	OC05H08	nucleoside diphosphate kinase (NDPK-2)	-0.07	-0.12	-0.05	-0.17	-0.06	-0.03	-0.08	-0.17	-0.23
1679	OC05H10	not annotated	-0.19	-0.20	-0.18	-0.02	0.01	0.15	-0.12	0.00	-0.16
1680	OC05H12	heat shock protein 82 (HSP82)	-0.05	-0.04	-0.10	-0.03	-0.06	0.11	-0.01	0.05	-0.21
1681	OE201B02	unknown protein [Arabidopsis](AC009606)	-0.05	-0.05	-0.04	0.02	0.01	0.06	Flag	Flag	Flag

1682	OE201B04	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Oryza sativa]	-0.06	-0.11	-0.04	0.10	0.10	0.08	-0.08	0.09	0.02
1683	OE201B06	unknown protein [Arabidopsis](AB026649)	-0.04	-0.06	0.01	0.02	0.02	0.09	-0.04	0.08	-0.17
1684	OE201B08	translation initiation factor eIF-2 beta chain - wheat	-0.01	-0.06	-0.04	-0.05	-0.04	0.05	-0.03	-0.09	-0.15
1685	OE201B10	elongation factor-1 alpha; EF-1 alpha	0.06	0.15	-0.05	-0.04	-0.09	0.00	-0.06	0.07	-0.11
1686	OE201B12	proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, [Homo sapiens]	-0.01	0.02	0.00	0.01	-0.07	0.05	-0.05	0.10	-0.08
1687	OE201D02	ATP phosphoribosyl transferase [Arabidopsis]	-0.08	0.05	-0.09	0.03	0.12	Flag	-0.03	0.01	-0.09
1688	OE201D04	unknown (N-acetylglucosamine-1-phosphate transferase)	-0.11	-0.13	-0.11	-0.11	0.01	-0.06	-0.06	-0.12	-0.15
1689	OE201D06	unknown protein [Arabidopsis](AC005397)	-0.05	-0.04	-0.06	0.01	0.06	0.00	-0.05	0.04	-0.17
1690	OE201D08	50S ribosomal protein L6, chloroplast or mitochondria, liverwort (Marchantia polymorpha)	-0.11	-0.14	-0.08	-0.15	0.00	0.00	-0.07	-0.33	-0.34
1691	OE201D10	protein phosphatase-2C [Mesembryanthemum crystallinum]	-0.07	-0.12	-0.07	-0.02	0.02	0.08	-0.14	-0.04	-0.26
1692	OE201D12	unknown protein [Arabidopsis](AC016795)	-0.05	-0.15	-0.04	0.06	0.11	0.12	0.00	0.04	-0.12
1693	OE201F02	hypothetical protein Rv3835 [Mycobacterium tuberculosis]	-0.05	-0.15	-0.09	-0.10	-0.01	0.01	0.02	-0.25	-0.28
1694	OE201F04	no hit maize EST	-0.06	-0.13	-0.03	-0.04	0.00	0.02	-0.05	-0.19	-0.22
1695	OE201F06	IgE-dependent histamine-releasing factor homolog - rice	0.01	-0.01	-0.08	-0.01	-0.15	0.04	0.00	0.04	-0.07
1696	OE201F08	ubiquitin conjugating protein	-0.07	-0.13	-0.10	-0.06	-0.02	0.08	0.00	0.00	-0.25
1697	OE201F10	hypothetical protein [yeast]YNL124w	-0.04	0.00	-0.07	-0.01	0.04	0.01	-0.02	-0.12	-0.23
1698	OE201F12	no hit no EST	-0.12	-0.16	-0.08	-0.17	0.00	0.01	-0.07	-0.29	-0.36
1699	OE201H02	60S ribosomal protein L5	0.13	0.25	-0.01	0.03	-0.14	-0.06	Flag	Flag	Flag
1700	OE201H04	no hit no EST	-0.05	0.06	0.03	-0.09	-0.03	0.00	-0.02	-0.04	-0.15
1701	OE201H06	translation initiation factor eIF-4F chain p26 - maize, cap-binding protein p26 - rice	-0.06	-0.05	0.02	0.00	0.04	-0.02	-0.06	0.07	-0.06
1702	OE201H08	unknown protein (carbonic anhydrase VII [Homo sapiens])	-0.06	0.07	0.02	-0.02	0.05	0.00	-0.08	0.04	-0.31
1703	OE201H10	hypothetical protein [Arabidopsis]F22C12.25	-0.14	-0.05	-0.21	-0.02	-0.01	0.05	-0.12	-0.01	-0.16
1704	OE201H12	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Oryza sativa]	Flag	-0.19	0.00	-0.12	-0.02	0.01	0.02	-0.02	-0.19
1705	OC03B02	elongation factor EF-2	-0.01	0.11	-0.06	0.07	-0.03	0.04	Flag	Flag	Flag
1706	OC03B04	unknown (cytochrome c oxidase subunit II)	-0.17	-0.21	-0.15	-0.17	0.03	0.03	-0.06	-0.24	-0.28
1707	OC03B06	poly(A)-binding protein	0.01	0.08	-0.06	0.05	-0.05	0.05	-0.06	0.00	-0.19
1708	OC03B08	no hit rice EST	-0.22	-0.43	-0.16	-0.18	0.00	-0.02	-0.06	-0.27	-0.43
1709	OC03B10	phenylalanine ammonia-lyase	0.18	-0.26	0.00	-0.28	0.01	0.05	-0.02	-0.03	-0.28
1710	OC03B12	unknown (partial homology with DnaJ gene product, protein kinase; Hal5p)	0.05	0.09	-0.08	-0.11	-0.08	-0.03	-0.05	-0.08	-0.29
1711	OC03D02	hypothetical protein [Arabidopsis](AC005395)	0.02	0.10	-0.05	-0.06	-0.09	0.02	-0.03	-0.10	-0.24
1712	OC03D04	glutamyl aminopeptidase homolog F4I10.20 - Arabidopsis thaliana	Flag	0.07	-0.01	0.08	0.13	Flag	-0.04	0.09	-0.17
1713	OC03D06	H ⁺ -translocating ATPase [Nicotiana plumbaginifolia]	-0.21	-0.09	-0.06	-0.03	0.05	0.09	-0.13	0.05	-0.17
1714	OC03D08	hypothetical protein [Arabidopsis]F33D11.9b	-0.01	0.11	-0.08	0.00	-0.19	-0.05	-0.09	-0.02	-0.09
1715	OC03D10	hypothetical protein (lactoylglutathione lyase (gloA), glyoxalase I [Oryza sativa])	Flag	Flag	-0.11	0.03	0.10	0.07	-0.08	-0.01	-0.16
1716	OC03D12	MAR binding filament-like protein 1 - tomato	Flag	-0.05	-0.06	-0.06	0.00	0.06	-0.09	-0.02	-0.14
1717	OC03F02	Sugar transporter [Arabidopsis]	-0.14	-0.28	-0.13	-0.11	-0.01	0.03	-0.12	-0.28	-0.24
1718	OC03F04	NADP-dependent malic protein [Ricinus communis]	0.05	0.01	0.10	-0.02	-0.07	0.05	-0.01	0.04	-0.13
1719	OC03F06	ABA and stress induced protein (Asr1) - rice from EST	0.06	-0.05	0.43	0.54	-0.21	0.17	0.16	0.48	0.32
1720	OC03F08	proteasome alpha subunit [Oryza sativa]	-0.03	-0.06	0.05	0.03	-0.09	0.02	0.00	0.04	-0.21
1721	OC03F10	60S ribosomal protein L27a, L28, L15P	0.01	0.00	0.00	0.04	-0.06	0.00	0.00	-0.02	-0.17
1722	OC03F12	not annotated	0.04	0.05	-0.03	-0.02	-0.05	-0.02	-0.05	-0.05	-0.10
1723	OC03H02	glycine-serine rich protein-(1), contig ID185	0.46	0.30	0.13	-0.23	-0.34	-0.10	-0.17	-0.24	-0.33
1724	OC03H04	cleft lip and palate transmembrane protein 1	-0.02	0.08	Flag	0.03	-0.08	-0.01	Flag	Flag	Flag
1725	OC03H06	aminolevulinate dehydratase (EC 4.2.1.24)	-0.10	-0.08	-0.02	-0.02	0.03	0.04	-0.07	0.03	-0.19

1726	OC03H08	RD RNA-binding protein, arginine/aspartate-rich 37.3K protein - human	-0.02	-0.01	Flag	-0.02	-0.01	0.00	Flag	Flag	Flag
1727	OC03H10	fructose-bisphosphate aldolase, cytosolic	-0.07	-0.01	0.03	-0.10	-0.09	0.00	-0.06	0.10	-0.21
1728	OC03H12	ATP/ADP translocator [Oryza sativa]	0.05	0.04	-0.06	-0.16	-0.04	-0.02	-0.07	0.06	-0.14

Each value is the mean of the signal intensity in the Cy3 and Cy5 channels from hybridization to three DNA elements converted into the Log-10 Ratio (LR = $\log_{10} [\text{Cy5}/\text{Cy3}]$). LR \pm 0.2 corresponds to a signal intensity difference of \pm 1.6-fold.

Flag: Elements on the micorarray slides in these experiments were flagged for several reasons: low signal intensities (less than 1000 mean signal intensity), covered by dust particles, spots of irregular shape, or spots located in a high background area.