

**ANÁLISE PROTEÔMICA DA INTERAÇÃO ENTRE ÁCIDO ABSCÍSICO E
FLAGELINA NA REGULAÇÃO DAS RESPOSTAS DE DEFESA EM RAÍZES DE**

Arabidopsis thaliana

DANYELLE BARBOSA MAYRINK RODRIGUES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
DEZEMBRO – 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

R696 Rodrigues, Danyelle Barbosa Mayrink.

Análise proteômica da interação entre ácido abscísico e flagelina na regulação das respostas de defesa em raízes de *Arabidopsis thaliana* / Danyelle Barbosa Mayrink Rodrigues.
- Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

155 f. : il.

Bibliografia: 66 - 77.

Dissertação (Mestrado em Biotecnologia Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Biociências e Biotecnologia, 2020.
Orientador: Goncalo Apolinario de Souza Filho.

1. proteômica. 2. imunidade vegetal. 3. PAMPs. 4. hormônios vegetais. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 660.6

**ANÁLISE PROTEÔMICA DA INTERAÇÃO ENTRE ÁCIDO ABSCÍSICO E
FLAGELINA NA REGULAÇÃO DAS RESPOSTAS DE DEFESA EM RAÍZES
DE *Arabidopsis thaliana***

DANYELLE BARBOSA MAYRINK RODRIGUES

“Dissertação apresentada ao Centro de Biociências e Biotecnologia, da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Biotecnologia Vegetal”.

Orientador: Gonçalo Apolinário de Souza Filho

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
DEZEMBRO – 2020

**ANÁLISE PROTEÔMICA DA INTERAÇÃO ENTRE ÁCIDO ABSCÍSICO E
FLAGELINA NA REGULAÇÃO DAS RESPOSTAS DE DEFESA EM RAÍZES DE**
Arabidopsis thaliana

DANYELLE BARBOSA MAYRINK RODRIGUES

“Dissertação apresentado ao Centro Biociências e Biotecnologia, da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Biotecnologia Vegetal”.

Aprovada em 15 de Dezembro de 2020

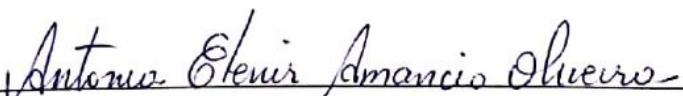
Comissão Examinadora:



Prof. Marcio Alves-Ferreira (D. Sc. em Genética) - UFRJ



Prof. Clícia Grativil Gaspar de Matos (D. Sc. Química Biológica) – UENF



Prof. Antônia Elenir Amâncio Oliveira (D. Sc, Biociências e Biotecnologia) – UENF



Prof. Gonçalo Apolinário de Souza Filho (D. Sc, Biociências e Biotecnologia) – UENF
(Orientador)

“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê.”

(Arthur Schopenhauer)

AGRADECIMENTOS

A Deus, por esta incrível oportunidade e conquista, por ter me dado forças para superar os momentos mais difíceis, iluminado e guiado meus passos durante todo este tempo.

Aos meus pais, Antônio e Efigênia, por todo amor que depositaram em mim, pelas orações, incentivo e palavras certas quando tudo parecia desabar.

Ao meu esposo e companheiro de vida Flaviano, por todo amor e apoio que me deu durante esta jornada. Por todos os bons momentos vividos e pelos que estão por vir.

Aos meus irmãos pelo apoio, orações e carinho.

Aos meus sobrinhos, por serem carinhosos e encherem minha vida de alegria.

Aos meus sogros, Flávio e Silmara, padrinhos Sávio, Olegário e Giseli, e a Vó Maria por todo carinho que têm por mim.

As minhas amigas Pollyanne, Paula, Ivany, Amanda, Yochabell, Raquel e Karine pelos momentos de descontração, mesmo online. A Júlia que se tornou uma grande amiga neste período e com quem pude dividir aprendizados e boas risadas. A Mariana que dedicou muito do seu tempo em me ajudar e transmitir seus conhecimentos.

Ao meu orientador, Gonçalo Apolinário de Souza Filho, pelo exemplo de ética como pesquisador, pela paciência, esforço e tempo que dedicou ao meu trabalho, e por todo aprendizado transmitido.

Aos professores Márcio Ferreira-Alves, Clícia Grativil Gaspar de Matos e Antônia Elenir Amâncio Oliveira por dedicarem seu tempo a avaliação deste trabalho.

Aos colegas de trabalho Júlia, Mariana, Fabiano, Patrícia, Tamires, Clara, Vivian, Bárbarah e Rafael pelo companheirismo, apoio e bons momentos que passamos juntos. Aos ICs Karine, Daniel e Renato por toda ajuda. A Dona Carla que alegra nossos dias.

Ao programa de pós-graduação em Biotecnologia Vegetal por toda estrutura pedagógica que nos disponibilizam.

A UENF pelo apoio financeiro, infraestrutura e oportunidade de aprender com profissionais de qualidade.

A todos que de alguma forma fizeram parte da minha formação pessoal e acadêmica,

A minha gratidão.

SUMÁRIO

ÍNDICE DE FIGURAS	VI
ÍNDICE DE TABELAS	VIII
RESUMO	IX
ABSTRACT	XI
1- INTRODUÇÃO	13
2- REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1. Sistema imune vegetal	16
2.1.1. Flagelina	17
2.1.2. Imunidade inata	19
2.1.3. Imunidade sistêmica	21
2.2. Hormônios vegetais e a imunidade	22
2.3. O ácido abscísico.....	24
3- OBJETIVOS	27
3.1. Objetivo geral	27
3.1.1. Objetivos específicos	27
4- MATERIAL E MÉTODOS	28
4.1. Material vegetal e condições de cultivo.....	28
4.2. Tratamento das plântulas de <i>A. thaliana</i> com flagelina e ácido abcísico	28
4.3. Análises proteômicas	28
4.3.1. Extração das proteínas totais	28
4.3.2. Digestão das proteínas totais	29
4.3.3. Análise de espectrometria de massas.....	30
4.3.4. Análises de bioinformática	31
5- RESULTADOS	32
5.1. Análise proteômica da resposta de raízes de <i>A. thaliana</i> à flg22.....	32
5.2. Análise proteômica da resposta de raízes de <i>A. thaliana</i> ao ácido abscísico.....	38
5.3. Respostas proteômicas disparadas por Flg22 em raízes são antagonizadas por ABA	42
5.4. Respostas proteômicas disparadas por ABA em raízes são parcialmente antagonizadas por flg22	48
5.5. Novo perfil de proteínas de defesa, em raízes, resultante da interação entre flg22 e ABA	52
6- DISCUSSÃO	55
7- CONCLUSÕES	62

8- PERSPECTIVAS FUTURAS	63
9- REFERÊNCIAS	64
ANEXO 1: ANÁLISE PROTEÔMICA DE PLANTAS TRATADAS COM FLG22	76
ANEXO 2: ANÁLISE PROTEÔMICA DE PLANTAS TRATADAS COM ABA	98
ANEXO: ANÁLISE PROTEÔMICA DE PLANTAS TRATADAS COM ABA+FLG22	125

ÍNDICE DE FIGURAS

- FIGURA 1:** Estrutura do monômero de flagelina, principal constituinte do flagelo bacteriano, e representação dos sítios de reconhecimento de diferentes epítópos da molécula por PRRs. Os epítópos reconhecidos por plantas estão delineados em vermelho com seus PRRs correspondentes indicados em vermelho. Da mesma forma, os PRRs de vertebrados reconhecem epítópos conservados da molécula de flagelina, delineados em preto (Adaptado de Fliegmann e Felix, 2016)..... 18
- FIGURA 2:** Visão geral da resposta de defesa vegetal mediante interação com microrganismo patogênico (Adaptado de Ziv *et al.*, 2018)..... 20
- FIGURA 3:** Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com flagelina. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração \log_2 vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor $-\log_{10} p$). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas..... 32
- FIGURA 4:** Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com ABA. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração \log_2 vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor $-\log_{10} p$). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas..... 38
- FIGURA 5:** Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com ABA+flg22. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração \log_2 vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor $-\log_{10} p$). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas..... 42
- FIGURA 6:** Classificação das proteínas afetadas pelo tratamento com ABA+flg22. A) Porcentagem de proteínas de resposta a flg22 cuja regulação é afetada, ou não, pela interação com ABA. B) Grupos de proteínas de resposta a Flg22 em que mediante ABA não houve

acúmulo diferencial de proteínas (B1-3), a regulação é atenuada (B4) ou intensificada (B5) por ABA.....45

FIGURA 7: Classificação das proteínas afetadas pelo tratamento com ABA+flg22. A) Porcentagem de proteínas de resposta a ABA cuja regulação é afetada, ou não, pela interação com flg22. B) Grupos de proteínas de resposta a ABA em que mediante flg22 não houve acúmulo diferencial de proteínas (B1-2), a regulação é atenuada (B3) ou intensificada (B4) por flg22.....50

FIGURA 8: Modelo proposto da combinação dos perfis proteômicos de plântulas de *A. thaliana* tratadas com flg22, ABA e ABA+flg22. O tratamento ABA+flg22 evidenciou a formação de um novo perfil proteômico de proteínas de resposta de defesa contra microrganismos patogênicos. O conjunto AB consiste das proteínas aumentadas por flg22, em que o subconjunto A consiste das proteínas antagonizadas por ABA e o subconjunto B das proteínas reguladas por flg22, que foram mantidas após o tratamento simultâneo ABA+flg22. O conjunto C corresponde as proteínas de defesa reguladas no tratamento isolado com ABA. A junção dos conjuntos B e C corresponde ao novo conjunto de proteínas formados pelo tratamento ABA+flg22 que a planta utiliza para se defender de patógenos. A rede de interação entre as proteínas foi determinada pelo software STRING (versão 11.0).....61

ÍNDICE DE TABELAS

TABELA 1: Principais grupos de proteínas reguladas em raízes de <i>A. thaliana</i> pelo tratamento com flg22	34
TABELA 2: Principais grupos de proteínas reguladas em raízes de <i>A. thaliana</i> pelo tratamento com ABA	40
TABELA 3. 1: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por ABA (Referente Figura 6B1).....	46
TABELA 3. 2: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por ABA (Referente Figura 6B2).....	46
TABELA 3. 3: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por aba (Referente Figura 6B3).....	47
TABELA 3. 4: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é atenuada por ABA (Referente Figura 6B4).....	47
TABELA 3. 5: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é intensificada por ABA (Referente Figura 6B5)	48
TABELA 4. 1: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é antagonizada por flg22 (Referente Figura 7B1)	51
TABELA 4. 2: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é antagonizada por flg22 (Referente Figura 7B2)	51
TABELA 4. 3: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é atenuada por flg22 (Referente Figura 7B3)	51
TABELA 4. 4: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é intensificada por flg22 (Referente Figura 7B4)	52
TABELA 5 : Perfil proteômico resultante do tratamento concomitante ABA+flg22	53

RESUMO

As plantas vivem expostas a um amplo espectro de espécies de microrganismos e desenvolveram mecanismos complexos de defesa, compostos por vários níveis de resposta. As plantas identificam a presença de microrganismos através do reconhecimento de padrões moleculares associados a microrganismos (MAMPs), e então é iniciada uma cascata de sinalizações de resposta imune. A flagelina é o principal constituinte do flagelo bacteriano, e seu fragmento de 22 aminoácidos (flg22) é o MAMP melhor caracterizado. Os hormônios vegetais ácido salicílico, ácido jasmônico e etileno atuam como reguladores do crescimento e desenvolvimento das plantas, mas também participam ativamente da resposta imune vegetal. Por outro lado, o ácido abscísico (ABA), o hormônio do estresse abiótico, é descrito como antagonista da resposta de defesa dependente de ácido salicílico, a resistência sistêmica adquirida (SAR). Embora a raiz seja o órgão da planta mais exposto a interações com microrganismos, o estudo da imunidade vegetal é realizado majoritariamente em folhas, havendo poucas considerações para tais respostas em raízes. O objetivo deste trabalho foi estudar as respostas de defesa vegetal ativadas em raízes de *Arabidopsis thaliana* expostas a flg22, bem como o papel do ácido abscísico na modulação de tal resposta. Para tanto, plântulas de *A. thaliana* foram tratadas com flg22, ABA, e com a combinação de ABA + flg22, por 24h. Após o tratamento as raízes foram submetidas a extração de proteínas para análise dos perfis proteômicos, em comparação com amostras de plântulas controles. As análises proteômicas das raízes permitiram identificar 120, 112 e 130 proteínas nos tratamentos flg22, ABA e ABA+flg22, respectivamente. O perfil proteômico das plântulas tratadas com flg22 indicou diversos grupos proteicos regulados, incluindo 27 proteínas relacionadas à defesa vegetal contra microrganismos. As plântulas tratadas com ABA apresentaram regulação de grupos de proteínas de resposta ao ABA, do estresse abiótico e proteínas relacionadas a defesa vegetal. O contraste dos tratamentos flg22 e ABA+flg22 mostrou um forte antagonismo de ABA sobre as respostas desencadeadas nas raízes por flg22. Aproximadamente 80% da resposta induzida por flg22 foi antagonizada por ABA. Adicionalmente, algumas proteínas tiveram sua regulação intensificada por ABA, enquanto as demais não foram afetadas. O antagonismo de flg22 sobre as respostas desencadeadas por ABA em raízes de *A. thaliana* foi menos expressivo, afetando 42 das proteínas reguladas. Proteínas de resposta a ABA, incluindo algumas proteínas de defesa contra patógenos, tiveram sua regulação intensificada, enquanto as demais não foram afetadas. Um conjunto de proteínas de defesa resultante da interação ABA+flg22 foi observado. Deste novo conjunto de proteínas se destacam proteínas características da resposta de defesa a

microrganismos. Nossos resultados sugerem que a manutenção de proteínas de defesa mesmo mediante o efeito antagônico desempenhado por ABA seja uma estratégia de defesa da planta frente a potencial ameaças de patógenos produtores de ABA. A despeito do forte antagonismo observado entre ABA e flg22, parte da resposta é independente entre eles, e ainda um relativo sinergismo pode ser observado em vias específicas.

Palavras-chave: Proteômica, imunidade vegetal, PAMPs, hormônios vegetais

ABSTRACT

Plants are exposed to a broad spectrum of microorganism species and have developed complex defense mechanisms composed of various response levels. Plants identify the presence of microorganisms by recognizing molecular patterns associated with microorganisms (MAMPs), and then a cascade of immune response signals is initiated. Flagellin is the main constituent of the bacterial flagellum, and its 22 amino acid fragment (flg22) is the best-characterized MAMP. The vegetable hormones salicylic acid, jasmonic acid, and ethylene act as regulators of plant growth and development and actively participate in the plant immune response. On the other hand, abscisic acid (ABA), the abiotic stress hormone, is described as an antagonist to the SAR-dependent defense response. Although the root is the plant organ most exposed to interactions with microorganisms, the study of plant immunity is mainly carried out on leaves, with few considerations for such responses in roots. This work aimed to study the plant defense responses activated in *Arabidopsis thaliana* roots exposed to flg22 and the role of abscisic acid in modulating such a response. For that, seedlings of *A. thaliana* were treated with flg22, ABA, and with the combination of ABA + flg22, for 24h. After treatment, the roots were subjected to protein extraction for analysis of the proteomic profiles compared to samples of control seedlings. The proteomic analysis of the roots allowed to identify 120, 112, and 130 proteins in the treatments flg22, ABA, and ABA + flg22, respectively. The proteomic profile of seedlings treated with flg22 indicated several regulated protein groups, including 27 proteins related to plant defense against microorganisms. Seedlings treated with ABA showed regulation of ABA response protein groups, abiotic stress, and proteins related to plant defense. The contrast of treatments flg22 and ABA + flg22 showed a strong antagonism of ABA on the responses triggered in the roots by flg22. ABA antagonized approximately 80% of the flg22-induced response. Additionally, some proteins of this group had their regulation intensified by ABA, while the others were not affected. The antagonism of flg22 on the responses triggered by ABA in *A. thaliana* roots was less expressive, affecting 42% of regulated proteins. ABA response proteins, including some defense proteins against pathogens, had their regulation intensified, while the others were unaffected. A set of defense proteins resulting from the ABA + flg22 interaction was observed. Of this new set of proteins, proteins characteristic of the defense response to microorganisms stands out. Our results suggest that the maintenance of defense proteins even through the antagonistic effect played by ABA is a strategy of plant defense against potential threats from pathogens producing ABA. Despite the strong antagonism

observed between ABA and flg22, part of the response is independent between them, and a relative synergism can also be observed in specific ways.

Keywords: Proteomics, plant immunity, PAMPs, plant hormones

1- INTRODUÇÃO

As plantas vivem expostas a um amplo espectro de espécies de microrganismos realizando diferentes tipos de interações. Apesar da grande variedade de espécies, uma pequena parcela dos microrganismos é capaz de colonizar plantas, uma vez que estas desenvolveram mecanismos eficazes para barrar sua entrada e multiplicação. O reconhecimento dos diferentes tipos de microrganismos e a indução das defesas específicas são essenciais para a sobrevivência e desenvolvimento da planta (Bari e Jones, 2009; Glazebrook, 2005)

Muitos patógenos utilizam ferimentos e aberturas naturais na superfície vegetal para entrar em seus tecidos. Entretanto, para colonizar e se multiplicar em tal ambiente, os microrganismos precisam vencer barreiras químicas e físicas oferecidas pela planta. Entre essas barreiras estão camadas de cera, lipídios cuticulares, enzimas antimicrobianas e metabólitos secundários (Ahuja, Kissen e Bones, 2012; Bednarek, 2012; Muthamilarasan e Prasad, 2013). Apesar da diversidade das barreiras constitutivas, alguns microrganismos conseguem acessar o interior da planta. A partir de então, a planta reconhece o invasor e inicia uma rede de sinalizações para impedir a ocorrência da doença (Jones e Dangl, 2006).

Através de receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) as plantas identificam “padrões moleculares associados a microrganismos” (MAMPs) e “padrões moleculares associados a patógenos” (PAMPs). MAMPs são moléculas conservadas nos microrganismos que funcionam como assinaturas para seu reconhecimento pela planta (Ausubel, 2005; Dangl, Horvath e Staskawicz, 2013; Schwessinger e Ronald, 2012; Zipfel, 2014). Após o reconhecimento, iniciam-se respostas de defesa local, denominada PTI (PAMP-triggered immunity / imunidade desencadeada por PAMP) para impedir que o patógeno se espalhe pelos tecidos (Boller e Felix, 2009; Zipfel *et al.*, 2004). Entre os MAMPs mais estudados estão a flagelina, o fator de alongamento EF-Tu, quitina, glicoproteínas e lipossacarídeos, onde a flagelina é o que possui melhor caracterização (Felix *et al.*, 1999; Gómez-Gómez e Boller, 2000; Gómez-Gómez, Felix e Boller, 1999; Zipfel *et al.*, 2004).

A flagelina é o principal constituinte do flagelo bacteriano e sua interação com receptores de *Arabidopsis thaliana* (*A. thaliana*) é amplamente utilizada para o entendimento dos mecanismos associados a defesa vegetal (Chinchilla *et al.*, 2007; Gómez-Gómez e Boller, 2000; Zipfel *et al.*, 2004). *A. thaliana* é uma planta modelo para trabalhos de genética de plantas e tem sido intensamente estudada para desvendar as bases da imunidade vegetal. Esta espécie possui, na membrana plasmática, o receptor FLS2 (*Flagellin Sensing 2*) que reconhece a

flagelina bacteriana, e então inicia a cascata de sinalização de defesa para o corpo da planta (Gómez-Gómez e Boller, 2000).

Após o reconhecimento de microrganismos, parte da sinalização envolve hormônios vegetais que, além de atuar como reguladores do crescimento e desenvolvimento das plantas, participamativamente da resposta imune vegetal (Santner e Estelle, 2009). O ácido salicílico (AS), ácido jasmônico (AJ) e etileno (ET) são os principais hormônios participantes do sistema de defesa vegetal. A síntese e acúmulo de AS é induzida após reconhecimento de PAMPs e efetores patogênicos, desencadeando a resistência sistêmica adquirida (SAR) (Canet *et al.*, 2010; Mishina e Zeier, 2007; Pieterse *et al.*, 2014). A síntese do ácido jasmônico e etileno, se inicia principalmente com ataque de insetos e patógenos necrotróficos (Gfeller *et al.*, 2010). Por outro lado, o ácido abscísico (ABA) é responsável pela tolerância a estresse abiótico e aparenta ser um regulador negativo da defesa dependente de AS (Zabala *et al.*, 2009). Os demais hormônios giberelina (Navarro *et al.*, 2008), auxinas (Kazan e Manners, 2009), citocininas (Walters e McRoberts, 2006) e brassinoesteróides (Nakashita *et al.*, 2003) produzidos pela planta, também atuam como moduladores da sinalização imune da planta, apresentando diferentes funções (Navarro *et al.*, 2008; Pieterse *et al.*, 2014; Verhage, Wees, van e Pieterse, 2010).

O tratamento de *A. thaliana* com a molécula flg22, uma sequência de 22 aminoácidos conservada no flagelo de espécies bacterianas, é uma abordagem importante para a caracterização molecular das respostas de defesa desencadeadas na planta. A caracterização das respostas de defesa vegetal é frequentemente realizada por análises de transcriptoma (Navarro *et al.*, 2004; Rosli *et al.*, 2013; Zipfel *et al.*, 2004). Entretanto, nos últimos anos, os avanços das tecnologias associadas a análise proteômica têm contribuído para a caracterização de mecanismos complexos como a interação planta-patógeno (Chen, Bhaduria e Ma, 2016; Quirino *et al.*, 2010). As novas tecnologias associadas a espectrometria de massas têm possibilitado a obtenção de dados de alta qualidade, facilitando a caracterização do perfil proteômico de amostras de diferentes organismos (Heringer *et al.*, 2015; Reis *et al.*, 2016; Song *et al.*, 2016). Além disso, a análise de amostras complexas, como a interação planta-patógeno, tem permitido identificar os principais grupos de proteínas regulados durante esta interação e a resposta de defesa vegetal (Afroz *et al.*, 2013; Campos *et al.*, 2009; Jones *et al.*, 2004; Villeth *et al.*, 2009).

Apesar da diversidade de informações acerca da imunidade vegetal e das respostas desencadeadas por microrganismos durante a interação, tais pesquisas são realizados majoritariamente em folhas de *A. thaliana* e demais espécies de plantas, havendo poucas

considerações para estas respostas em raízes (Chuberre *et al.*, 2018; Wyrsc *et al.*, 2015). Entretanto, a raiz é o órgão da planta que está mais exposto ao ataque por microrganismos e, portanto, necessita um efetivo mecanismos de resposta imune. Por este motivo, é provável que as respostas de defesa induzidas neste órgão sejam específicas, havendo a necessidade do entendimento das bases moleculares envolvidas (Berendsen, Pieterse e Bakker, 2012).

Diversas espécies de microrganismos são capazes de produzir ABA (Cohen, Bottini e Piccoli, 2008; Forchetti *et al.*, 2007; Jiang *et al.*, 2010; Siewers *et al.*, 2006; Spence *et al.*, 2015; Zabala *et al.*, 2009) que, por sua vez, pode atuar como antagonista da defesa vegetal em tecidos foliares (Goel *et al.*, 2008; Zabala *et al.*, 2009). Entretanto, o papel do ABA sobre a defesa vegetal em tecidos radiculares é pouco elucidado.

Considerando o papel essencial da imunidade vegetal em raízes, o presente trabalho objetivou estudar a ativação das respostas de defesa em raízes de *A. thaliana* expostas a flg22, bem como o papel do ABA na alteração de tal resposta. Para tanto, análises proteômicas comparativas foram aplicadas de modo a investigar os principais conjuntos proteicos regulados. A anotação e as redes de associação funcional entre as proteínas identificadas foram obtidas utilizando o *software online* STRING (versão11.0), que relaciona os principais processos biológicos nos quais as proteínas analisadas participam. Desta forma, foi possível verificar a resposta ativadas por flg22 em raízes, o efeito do ABA exógeno na regulação da defesa e o perfil de proteínas de defesa resultantes da interação flg22-ABA.

2- REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Sistema imune vegetal

As plantas desenvolveram mecanismos complexos de imunidade, composto de níveis de defesa. Tal mecanismo envolve barreiras constitutivas, bem como respostas induzidas pelo ataque de microrganismos (Bari e Jones, 2009). A resposta adequada ao ataque é importante para a sobrevivência da planta, visto que a ativação do sistema de defesa exige gasto energético e pode afetar seu crescimento (Glazebrook, 2005).

De acordo com o seu estilo de vida, os patógenos de plantas podem se dividir em dois grupos distintos: biotróficos e necrotróficos. Os patógenos biotróficos precisam do tecido vivo do hospedeiro para sobreviverem, utilizando-se de estruturas especializadas para se alimentar. Por outro lado, os patógenos necrotróficos matam o tecido hospedeiro por meio de toxinas e enzimas que degradam a parede celular e, por fim, se alimentam do conteúdo das células. Alguns patógenos são denominados hemi-biotróficos e podem apresentar comportamento biotrófico e necrotrófico, a depender das condições em que se encontram ou do estágio do ciclo de vida (Glazebrook, 2005; Pieterse *et al.*, 2012).

Além dos microrganismos patogênicos, as plantas também estão em constante contato com microrganismos benéficos. Bactérias e fungos que promovem o crescimento vegetal consistem de grupos de microrganismos benéficos capazes de realizar associações com as plantas (Bashan, 2014). Estes microrganismos propiciam o desenvolvimento da planta por diversos mecanismos, sendo capazes de fixar o nitrogênio atmosférico (Baldani *et al.*, 1997; Olivares *et al.*, 1996), e promover o aumento da tolerância aos estresses ambientais (Kang *et al.*, 2010). Além disso, realizam o controle biológico de doenças (Verma, Ladha e Tripathi, 2001) e induzem uma resposta de defesa sistêmica no corpo da planta em caso de ataque por patógenos (Pozo *et al.*, 2008).

Os microrganismos se direcionam para a planta por aerotaxia e quimiotaxia (Chet, Zilberstein e Henis, 1973; Raymundo, 1980). A entrada na planta ocorre por meio de ferimentos e aberturas naturais como estômatos, lenticelas, hidatódios, pontos de emergência de raízes laterais, e através de ferimentos. Uma vez dentro da planta, muitos microrganismos habitam o apoplastro (Jones e Dangl, 2006; Muthamilarasan e Prasad, 2013). A primeira linha de defesa vegetal contra a entrada de patógenos é composta por barreiras físicas e químicas, que são mantidas constitutivamente pela planta. Camadas de cera, paredes celulares rígidas, lipídios cuticulares, enzimas antimicrobianas, fitoalexinas e demais metabólitos secundários, são exemplos típicos de barreiras mantidas para prevenção aos ataques de patógenos (Ahuja, Kissen

e Bones, 2012; Bednarek, 2012; Muthamilarasan e Prasad, 2013). Apesar disso, microrganismos são capazes de ultrapassar essas barreiras e acessar o interior da planta. Ao entrar em contato com um microrganismo, há o reconhecimento e o início da modulação do sistema de defesa da planta, através de respostas induzidas (Mithöfer, 2002).

Diferentemente dos sistemas animais, as plantas não possuem um sistema de defesa adaptativo e, por isso, dependem da imunidade inata de cada célula e da sinalização nos locais de infecção, para ativação de resposta sistêmica (Ausubel, 2005; Jones e Dangl, 2006). As plantas possuem receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) na membrana plasmática que são capazes de reconhecer padrões moleculares associados a microrganismos (MAMPs) e patógenos (PAMPs), tais como flagelina, o fator de alongamento EF-Tu, quitina, glicoproteínas, lipossacarídeos e peptidoglicano (Dangl, Horvath e Staskawicz, 2013; Schwessinger e Ronald, 2012; Zipfel, 2014).

2.1.1. Flagelina

O flagelo bacteriano é constituído de filamentos proteicos e é responsável pela mobilidade bacteriana e adesão ao hospedeiro para a infecção (Haiko e Westerlund-Wikström, 2013; Rossez *et al.*, 2015). O filamento do flagelo é ligado a um complexo motor transmembrana, composto por subunidades da proteína flagelina, que são codificadas pelo gene *fliC* (ou homólogos) (Felix *et al.*, 1999; Rossez *et al.*, 2015). A flagelina, o principal componente do flagelo, é amplamente estudada em interações de plantas e microrganismos, sendo o MAMP bacteriano melhor caracterizado (Felix *et al.*, 1999; Gómez-Gómez e Boller, 2000; Gómez-Gómez, Felix e Boller, 1999; Zipfel *et al.*, 2004). O reconhecimento da flagelina e outros MAMPs, se dá por receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) presentes na membrana plasmática da célula vegetal, que enviam sinais para início das respostas de defesa do sistema imune inato (Ausubel, 2005; Boller e Felix, 2009).

Existe uma variação na constituição de flagelos entre espécies bacterianas, entretanto o epítopo conhecido como flg22, de 22 aminoácidos (QRLSTGSRINSAKDDAAGLQIA) na região N-terminal, é altamente conservado e suficiente para ser reconhecido pelo receptor FLS2 (*Flagellin Sensing 2*) (Felix *et al.*, 1999; Gómez-Gómez e Boller, 2000). Na maior parte das espécies de plantas o flg22 é o principal responsável pelo reconhecimento da virulência da molécula flagelina (Gómez-Gómez e Boller, 2000; Schwessinger e Ronald, 2012). Em tomate (*Solanum lycopersicum*), tabaco (*Nicotiana tabacum*), *A. thaliana* e outras espécies de plantas, concentrações subnanomolares do peptídeo sintético flg22 são suficientes para agir como eliciadores da imunidade (Felix *et al.*, 1999).

Outras regiões do flagelo bacteriano também são reconhecidas por PRRs específicos em outras espécies de plantas e animais (FIGURA 1). Recentemente, em tomate e algumas plantas da família Solanaceae, foi descrito o receptor FLS3 (*Flagellin Sensing 3*) com especificidade relatada para o seguimento flgII-28 do monômero de flagelina (Friegmann e Felix, 2016). Além desta, o tomate é capaz de reconhecer pelo FLS2 o epítopo flg22 e uma versão reduzida de 15 aminoácidos deste mesmo domínio, o flg15 (Bauer *et al.*, 2001; Felix *et al.*, 1999). Da mesma forma, plantas de arroz são capazes de reconhecer o flg22, mas também reconhecem o CD2-1, uma sequência de 35 aminoácidos do flagelo, mas por um PRR ainda é desconhecido (Friegmann e Felix, 2016; Katsuragi *et al.*, 2015).

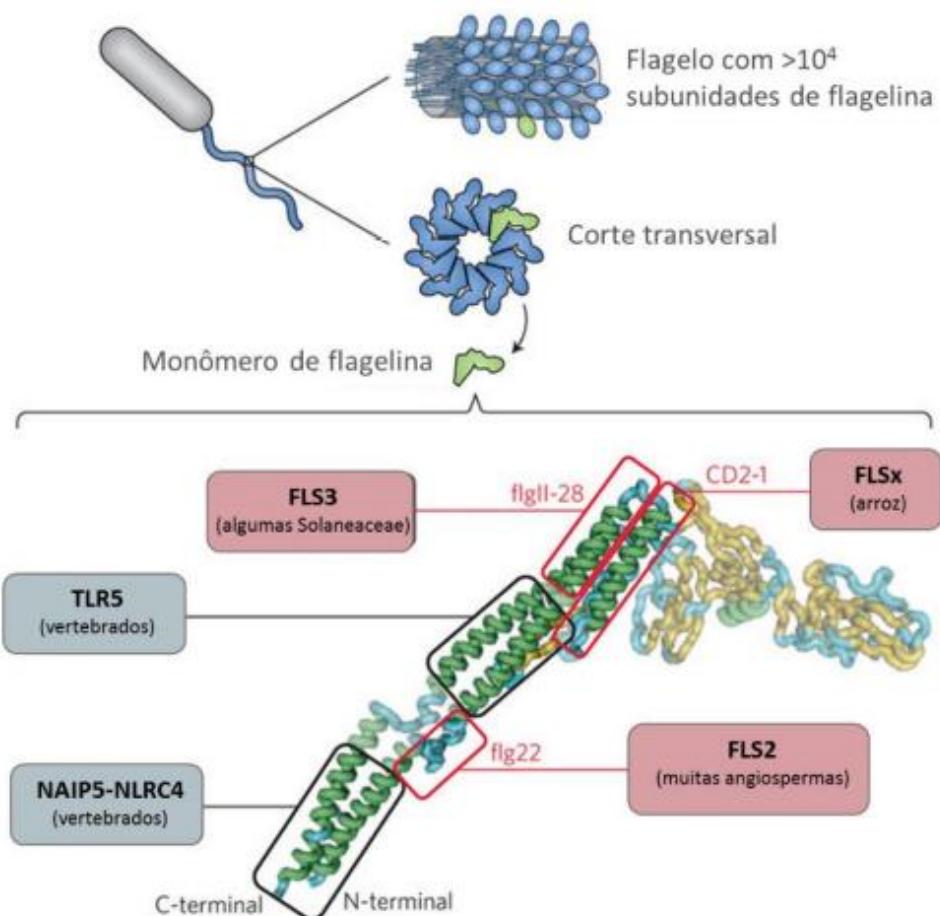


FIGURA 1: Estrutura do monômero de flagelina, principal constituinte do flagelo bacteriano, e representação dos sítios de reconhecimento de diferentes epítopes da molécula por PRRs. Os epítopes reconhecidos por plantas estão delineados em vermelho com seus PRRs correspondentes indicados em vermelho. Da mesma forma, os PRRs de vertebrados reconhecem epítopes conservados da molécula de flagelina, delineados em preto (Adaptado de Fliegmann e Felix, 2016).

Com o reconhecimento de flg22 por FLS2 inicia-se a sinalização para ativação das respostas de defesa do sistema imune inato. Entre os sinais emitidos, estão a produção de

espécies reativas de oxigênio (ROS), síntese e acúmulo de hormônios e deposição de calose (Dangl, Horvath e Staskawicz, 2013). A sinalização iniciada pelo reconhecimento de flg22 leva a indução de genes relacionados à defesa, como PR1, PR5, PAL1 e GST1 (Asai *et al.*, 2002; Gómez-Gómez, Felix e Boller, 1999).

2.1.2. Imunidade inata

O sistema imune vegetal se divide em dois ramos interligados: a imunidade inata e a imunidade sistêmica. O sistema imune inato consiste da primeira resposta da planta ao reconhecimento de patógenos e promove a defesa local imediata, sendo ativado de duas formas: imunidade desencadeada por padrão molecular associado a micróbios ou patógenos (MTI ou PTI) e imunidade desencadeada por efetor (ETI). Ambos iniciam uma maciça reprogramação de expressão gênica na célula vegetal (Kazan e Lyons, 2014).

O desencadeamento da PTI se dá pelo reconhecimento de padrões moleculares associados a microrganismos ou patógenos (MAMPs ou PAMPs) (FIGURA 2). Os MAMP/PAMP são componentes essenciais ou conservados em classes de microrganismos/patógenos tais como flagelina, o fator de alongamento EF-Tu, quitina, glicoproteínas e lipossacarídeos, que levam a ativação do sistema imune para a proteção da planta (Kunze *et al.*, 2004; Monaghan e Zipfel, 2012; Zamioudis e Pieterse, 2012).

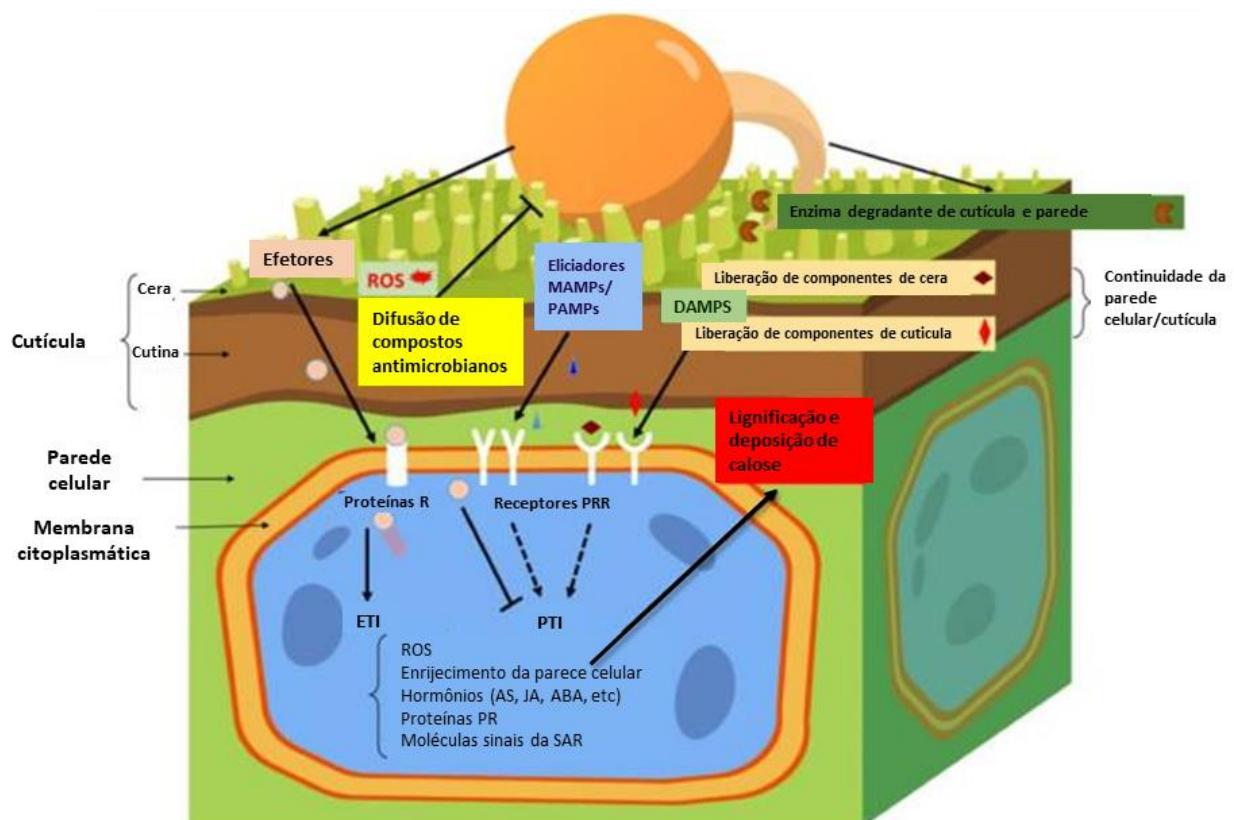


FIGURA 2: Visão geral da resposta de defesa vegetal mediante interação com microrganismo patogênico (Adaptado de Ziv *et al.*, 2018).

A PTI confere à planta uma resistência basal que é desencadeada pelo reconhecimento do microrganismo por meio de receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) associados a membrana. Os PRRs reconhecem os MAMPs/PAMPs, e disparam cascatas de sinalizações (Kazan e Lyons, 2014). Os PRRs de melhor caracterização são receptores quinases de repetições ricas em leucina (LRR) compostos por: um domínio extracelular, envolvido diretamente na percepção do ligante, um domínio transmembrana e um domínio quinase intracelular (Dangl, Horvath e Staskawicz, 2013; Nicaise, Roux e Zipfel, 2009). O FLS2 é um LRR que reconhece a flagelina bacteriana (Chinchilla *et al.*, 2006; Gómez-Gómez e Boller, 2000; Zipfel *et al.*, 2004).

No primeiro momento de reconhecimento do patógeno, a imunidade inata da planta responde com diversos mecanismos para impedir a infecção, entre eles: a acidificação do citoplasma, produção de espécies reativas de oxigênio (ROS), produção de fitoalexinas, calose, sinalização de MAPK-quinases, ativação de fatores de transcrição e reprogramação transcrecional de genes de defesa (Dangl, Horvath e Staskawicz, 2013; Huot *et al.*, 2014). Apesar da ativação da PTI, muitos patógenos conseguem ultrapassar esta cadeia de defesa, e se estabelecer no interior da planta e causar infecção (Göhre e Robatzek, 2008). Esta quebra da defesa inicial é realizada por patógenos que evoluíram paralelamente com as plantas, se adaptaram ao hospedeiro e desenvolveram estratégias para atenuar as respostas desencadeadas pela PTI (Abramovitch, Anderson e Martin, 2006).

Entre as estratégias de atenuação da resposta imune vegetal desenvolvida por patógenos, está o sistema de secreção tipo III (SST3). O SST3 permite à bactéria injetar proteínas efetoras no citoplasma das células, provocando a suscetibilidade desencadeada por efetor (ETS) (Jones e Dangl, 2006). As bactérias virulentas que possuem o SST3 são capazes de injetar 15-30 efetores na célula vegetal, que podem manipular a transcrição de genes que atuam diretamente na defesa vegetal e direcionar a síntese de proteínas do hospedeiro a seu favor, propiciando a liberação de nutrientes necessários à sua sobrevivência e multiplicação bacteriana (Feng e Zhou, 2012; Shan, He e Sheen, 2007). Estes efetores possuem uma diversidade de sequência de aminoácidos, havendo pouca similaridade entre eles (Muthamilarasan e Prasad, 2013; White, Yang e Johnson, 2000).

As plantas e os patógenos evoluíram e desenvolveram estratégias especializadas para garantir a sobrevivência e propagação. Entre os efetores injetados na célula vegetal estão, por

exemplo, os produtos de genes de avirulência desenvolvidos pelos patógenos. Tais moléculas são reconhecidas por proteínas de resistência (R) desenvolvidas pelas plantas (Biezen, Van Der e Jones, 1998). O reconhecimento dos efetores pelas proteínas R, resulta na imunidade desencadeada por efetor (ETI) que envia sinais para a manifestação da resistência (Jones e Dangl, 2006). A ETI consiste de uma resposta amplificada e acelerada da PTI que, em geral, resulta na resistência a doença através da reação hipersensível (HR) no local da infecção. A HR pode ser associada a uma resposta de resistência ou suscetibilidade a doenças, e além disso, possui eficácia contra microrganismos biotróficos. Quando relacionada a resposta de suscetibilidade, pode se tratar de uma estratégia do patógeno para se espalhar pela planta e, quando relacionada a reação de resistência, pode restringir a infecção à célula infectada. Além disso, por vezes, não é necessária a morte celular para haver uma HR (Greenberg e Yao, 2004).

Os efetores patogênicos podem também produzir moléculas análogas àquelas naturalmente produzidas pelas plantas, de forma a mimetizar uma resposta inversa ao ataque. Exemplificamos tal estratégia com patógenos capazes de produzir efetores que imitam os hormônios vegetais. Algumas bactérias são capazes de produzir coronatina, uma molécula semelhante ao ácido jasmônico, que responde aos ataques de patógenos fúngicos. A ativação de resposta contra fungos, baseada em ácido jasmônico e etileno, suprime as defesas contra o ataque bacteriano, mediada por ácido salicílico. A utilização do efetor HopAM1, mimetiza a sinalização de ABA por *Pseudomonas syringae*, e é relatada como estratégia para antagonizar a resposta de AS (Brooks, Bender e Kunkel, 2005; Goel *et al.*, 2008; Jones e Dangl, 2006; Zhao *et al.*, 2003).

Por fim, a ocorrência ou não de doença depende de fatores como: a capacidade do patógeno em burlar o sistema imune inato da planta e a capacidade da planta em identificar e combater a invasão por meio de respostas de defesas eficientes.

2.1.3. Imunidade sistêmica

A partir das respostas de defesa locais, PTI e ETI ativam defesas de longas distâncias, denominada resistência sistêmica adquirida (SAR). A SAR é induzida após um estímulo anterior e se desenvolve por todo corpo da planta protegendo-a de novas infecções após um ataque inicial do patógeno (Bostock, 2005; Copping, 1998). Sua ativação requer um acúmulo de ácido salicílico (AS). A indução de um grande número de genes relacionados a patogênese (PR) é característica dessa resposta (Durrant e Dong, 2004; Grant e Lamb, 2006). A utilização de mutantes defectivos para produção ou percepção de ácido salicílico constatou que, na ausência do hormônio AS, não há indução da SAR e de proteínas PR, tornando as plantas

suscetíveis aos patógenos (Durrant e Dong, 2004; Luna *et al.*, 2012). A resistência conferida pela SAR pode se manter ativa em uma planta inteira por longos períodos e, em alguns casos, por toda sua vida. Além disso, este sistema de defesa é eficaz contra uma ampla gama de espécies de patógenos (Durrant e Dong, 2004).

As bactérias e fungos promotores do crescimento vegetal que colonizam as raízes são capazes de fornecer à planta resistência aos patógenos, denominada resistência sistêmica induzida (ISR). Da mesma forma que a SAR, a ISR possui amplo espetro e pode proteger a planta de uma ampla gama de espécies de patógenos (Bostock, 2005). A ISR prepara o sistema imune vegetal para uma rápida reação de defesa, aumentando a capacidade da planta de se defender de patógenos (Pozo *et al.*, 2008). Diferentemente da SAR, que é mediada por AS, a resposta de ISR muitas vezes é dependente de ácido jasmônico (AJ) e etileno (ET), e não induz a expressão de genes relacionados SAR (Pieterse *et al.* 2009; Grant e Lamb, 2006; Pieterse *et al.*, 2012; Stein *et al.*, 2008).

As diferenças entre ETI, PTI, defesa basal ou SAR são quantitativas e/ou temporais e, em geral, os patógenos acionam uma rede de sinais comum e interconectada nas plantas. As respostas de defesa são controladas por vias distintas e de forma equilibrada, envolvendo os hormônios vegetais. Além disso, as respostas transicionais associadas à imunidade indicam clara existência de regulações com ativadores e repressores transpcionais, ajustando a expressão de genes de defesa (Eulgem e Somssich, 2007).

2.2. Hormônios vegetais e a imunidade

Os hormônios vegetais possuem função crucial e atuam em processos diferentes na fisiologia da planta. Os hormônios são caracterizados como pequenas moléculas que não possuem estruturas relacionadas, mas que são essenciais para a sinalização sistêmica de diversos acontecimentos, sejam de caráter físico ou ambiental. A regulação do crescimento e desenvolvimento, são exemplos típicos de sua atividade. Entretanto, os hormônios atuam na resposta aos estresses abióticos e bióticos, participandoativamente da resposta imune vegetal (Santner e Estelle, 2009).

A resposta imune, após o início da PTI e ETI, é sinalizada principalmente por hormônios vegetais, que iniciam uma ativação sistêmica de resposta de defesa. Após o reconhecimento do ataque do microrganismo, patogênico ou benéfico, ou ataque de insetos, a síntese e acumulação de hormônios vegetais é alterada, como forma de sinalização para o início de respostas de defesa (Pieterse *et al.*, 2012).

Ácido salicílico, ácido jasmônico e etileno são conhecidos como os principais hormônios da modulação do sistema de defesa da planta (Bari e Jones, 2009). Entretanto, alguns trabalhos já mostraram que os hormônios ácido abscísico (Ton, Flors e Mauch-Mani, 2009), giberelina (Navarro *et al.*, 2008), auxina (Kazan e Manners, 2009), citocinina (Walters e McRoberts, 2006) e brassinosteróides (Nakashita *et al.*, 2003) também compõem a rede de sinalização da imunidade vegetal (Pieterse *et al.*, 2012). Alterações na composição ou sensibilidade a esses hormônios, iniciadas após a interação com microrganismos, acarretam uma gama de respostas na planta e são essenciais para a sinalização de defesa (Glazebrook, 2005; Walters e Heil, 2007).

O ácido salicílico (AS) possui papel importante na sinalização de resistência. A resposta de AS é típica, mas não exclusiva, frente ao ataque de microrganismos biotróficos e hemibiotróficos (Glazebrook, 2005), e está diretamente relacionada ao estabelecimento da SAR. Por outro lado, o ácido jasmônico (AJ) e etileno (ET) são associados a ataque de patógenos necrotróficos e insetos herbívoros (Bari e Jones, 2009). Apesar das vias de defesa AS e AJ/ET serem conhecidamente antagônicas, existem evidências de uma relação de sinergia entre elas (Beckers e Spoel, 2006; Mur *et al.*, 2006). Além disso, este comportamento sugere que a natureza da defesa ativada é dependente do estilo de vida do patógeno. Tendo em vista que muitos patógenos possuem ambos comportamentos, biotrófico e necrotrófico, e que em um ambiente natural a planta pode ser atacada simultaneamente ou sequencialmente por patógenos com estilos de vida diferentes, o sinergismo ou antagonismo entre AS e AJ/ET pode ser um mecanismo importante para determinação da via de defesa a ser seguida (Glazebrook, 2005; Pieterse *et al.*, 2012).

O ácido abscísico (ABA), hormônio conhecidamente envolvido na resposta a estresses abióticos, atua como antagonista das respostas de defesa contra microrganismos (Zabala *et al.*, 2009). Apesar desta caracterização como antagonista da defesa contra patógenos, existem evidências de que, em tecido foliar, o ABA também possa ativar algumas respostas de defesa contra microrganismos (Gudesblat, Torres e Vojnov, 2009; Melotto *et al.*, 2006). Adicionalmente, resposta ao estresse abiótico induzida por ABA não é suprimida perante aplicação de hormônios exógenos, sugerindo que a resposta de ABA ao estresse abiótico possa ser dominante frente às demais induções de defesa vegetal (Anderson *et al.*, 2004; Mauch-Mani e Mauch, 2005).

A sinalização por auxina pode levar a repressão da sinalização e de níveis de AS (Robert-Seilaniantz *et al.*, 2011). Esta observação é principalmente amparada pelo fato de

muitos microrganismos benéficos e patógenos biotróficos serem capazes de sintetizar auxina, e com isso reprimir a sinalização de AS permitindo a colonização (Chen *et al.*, 2007). Por outro lado, a auxina é também associada ao desencadeamento da ISR juntamente com microrganismos benéficos associados à raiz (Stringlis *et al.*, 2018). As giberelinas (GA) são hormônios que controlam o crescimento da planta atuando na degradação das proteínas DELLA, repressoras do crescimento (Sun, 2011). Entretanto, a degradação das proteínas DELLA mostrou ocasionar suscetibilidade a patógenos necrotróficos e resistência a biotróficos, por meio da modulação entre a sinalização de SA e JA (Navarro *et al.*, 2008). As citocininas (CKs) são hormônios de crescimento e se mostraram atuantes na imunidade com a regulação positiva da resposta de AS, expressão do gene PR-1 e consequente resistência a *Pseudomonas syringae* (Choi *et al.*, 2010). Os brassinoesteróides também se mostraram envolvidos em mecanismos de defesa vegetal, embora tais processos ainda não estejam totalmente esclarecidos (Kazan e Lyons, 2014; Nakashita *et al.*, 2003; Pieterse *et al.*, 2009, 2012).

O complexo envolvimento de reguladores do crescimento na imunidade vegetal sugere que o crescimento e a defesa são mecanismos intimamente relacionados e antagônicos. A regulação desta rede permite a adaptação eficiente e rápida resposta frente as mudanças ambientais e ataques de microrganismos, possibilitando à planta o uso de seus recursos de maneira mais eficaz (Pieterse *et al.*, 2012).

2.3. O ácido abscísico

O ácido abscísico (ABA) é um hormônio vegetal encontrado em todos os órgãos da planta, participando do crescimento, desenvolvimento e de respostas a estresse. De forma semelhante aos demais hormônios vegetais, o ABA participa de múltiplos processos fisiológicos, atuando no comportamento estomático, senescência foliar, dormência de gemas, inibição de crescimento, desenvolvimento e germinação de sementes (Chen *et al.*, 2020; Harris, 2015; Nakashima *et al.*, 2009).

Diante de um estresse, as plantas possuem mecanismos para organizar seu metabolismo. O ABA, denominado como o hormônio do estresse abiótico, atua como intérprete dos sinais ambientais para o controle dos principais processos fisiológicos, evitando dispêndio de energia no momento inadequado (Chen *et al.*, 2020; Roychoudhury, Paul e Basu, 2013). Uma das muitas estratégias da planta para sobreviver a um estresse é a alteração da arquitetura de raiz. O ABA é um fator importante no desenvolvimento da raiz durante o processo de tolerância a estresse, principalmente o estresse hídrico, também verificado durante o estresse salino e osmótico (Harris, 2015). Durante o processo de tolerância a um estresse abiótico, a

concentração de ABA no tecido radicular pode levar ao crescimento ou quiescência do órgão, por inteiro ou de regiões específicas (Harris, 2015; Zhang *et al.*, 2010). Desta forma, a modulação da concentração de ABA nos tecidos da planta se mostra necessária para que haja equilíbrio entre defesa e crescimento vegetal, perante ambientes desafiadores. Em situações ambientais favoráveis, o ABA é reduzido a níveis basais favorecendo o crescimento ideal da planta (Chen *et al.*, 2020).

Além de estar envolvido na tolerância ao estresse abiótico, o ABA também tem sido relacionado a respostas de defesa vegetal contra microrganismos. Na associação da planta com microrganismos, o ABA é descrito como um antagonista das respostas de defesa contra diversos patógenos necrotróficos e biotróficos (Bari e Jones, 2009). Alguns trabalhos já demonstraram o efeito negativo de ABA na resposta de defesa mediada pela via do AS (Audenaert, Meyer, De e Höfte, 2002; Mauch-Mani e Mauch, 2005; Zabala *et al.*, 2009). Em outros, a aplicação exógena de ABA demonstrou ser negativa para a imunidade vegetal, deixando a planta suscetível a patógenos (Koga, Dohi e Mori, 2004; Mohr e Cahill, 2001; Torres-Zabala, De *et al.*, 2007). Entretanto, em ataques por insetos herbívoros e ferimentos o ABA atua de forma sinérgica às defesas mediadas por AJ (Papadopoulou *et al.*, 2018), e durante a interação das raízes com fungos micorrizos, atua como antagonista da resposta de defesa de ET, possibilitando a interação do fungo benéfico com a planta (Lievens *et al.*, 2017).

Diversos microrganismos foram caracterizados para a produção de ABA e de mecanismos que utilizam o hormônio para burlar o sistema de defesa vegetal (Goel *et al.*, 2008; Jiang *et al.*, 2010; Siewers *et al.*, 2006; Spence *et al.*, 2015; Zabala *et al.*, 2009). O fungo *Botrytis cinerea* é capaz de produzir ABA e mascarar as respostas de defesa mediadas por AS, necessárias para impedir a colonização da planta pelo hospedeiro (Siewers *et al.*, 2006). A bactéria patogênica *P. syringae* produz um efetor que é capaz de suprimir a defesa basal mediada pelo antagonismo de ABA (Goel *et al.*, 2008). Além disso, microrganismos benéficos também são capazes de produzir ABA e podem utilizar deste hormônio para estabelecer infecção e as relações de interação benéfica com as plantas (Cohen, Bottini e Piccoli, 2008; Forchetti *et al.*, 2007).

Alguns trabalhos mostram que o ABA tem ação positiva na resposta de defesa antes da invasão do microrganismo, sendo capaz de induzir o fechamento de estômatos mediante reconhecimento de MAMPs na superfície foliar, dificultando a entrada de patógenos no tecido (Cao, Yoshioka e Desveaux, 2011; Melotto *et al.*, 2006; Ton, Flors e Mauch-Mani, 2009). Por outro lado, após a invasão pelo patógeno, o aumento dos níveis de ABA, induzido por

patógenos, causa uma resposta antagônica a defesa vegetal suprimindo principalmente a expressão de proteínas PR e deposição de calose (Lim et al., 2015). Estas respostas são conhecidas em folhas, mas ainda não foram descritos mecanismos existentes no sistema radicular para evitar a infecção por microrganismos do solo produtores de ABA.

Neste trabalho, utilizamos as análises proteômicas por ESI-LC-MS / MS para estudar as respostas proteômicas desencadeadas em raízes, perante o tratamento de *A. thaliana* com o hormônio vegetal ABA e o eliciador bacteriano flg22. Adicionalmente, o trabalho buscou avaliar o efeito da interação destes dois eliciadores na modulação das respostas de defesa.

3- OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Estudar as respostas de defesa vegetal ativadas em raízes de *A. thaliana* expostas a flg22, bem como o papel do ácido abscísico na modulação de tal resposta.

3.1.1. Objetivos específicos

- a) Identificar e quantificar, através de análises proteômicas, as proteínas diferencialmente acumuladas nas raízes de *A. thaliana* após o tratamento com flagelina (flg22), ácido abscísico (ABA) e o tratamento concomitante com ABA+flg22;
- b) Identificar as principais respostas reguladas pelos tratamentos com flg22 e ABA nas raízes de *A. thaliana*;
- c) Analisar o efeito do ABA sobre as respostas desencadeadas por flg22 em raízes de *A. thaliana*;
- d) Analisar o efeito da flg22 sobre as respostas desencadeadas por ABA em raízes de *A. thaliana*;
- e) Analisar quais os mecanismos de resposta a microrganismos em raízes resultam da interação entre ABA e flg22.

4- MATERIAL E MÉTODOS

Este conjunto de dados foi previamente obtido pela Dr^a Patrícia L. Rangel Terra (Rangel, 2016), conforme a metodologia descrita a seguir. A análise e interpretação de dados foi realizada neste trabalho.

4.1. Material vegetal e condições de cultivo

Neste trabalho, foram utilizadas plantas de *A. thaliana* do ecótipo selvagem Columbia (COL-0). As sementes foram submetidas à desinfestação superficial mediante imersão em etanol 95% durante 1 min e em hipoclorito de sódio 2,5% durante 10 min, seguida de 6 lavagens em água ultra-pura estéril. As sementes foram estratificadas pela imersão em água por 48h, sob temperatura de 4°C, no escuro. Após este período, as sementes germinaram em placas de Petri contendo 30 sementes por placa, em meio líquido basal Murashige e Skoog (MS) (Phytotechnology Lab, Overland Park, KS, USA) (Murashige e Skoog, 1962) ½ força, contendo 1 g.L⁻¹ de MES e 10 g.L⁻¹ de sacarose, pH 5,7. As plântulas foram mantidas durante 12 dias em câmara de crescimento, sob temperatura de 22°C, irradiação de 120 µmol fôtons m⁻².s⁻¹ 12 h diárias. O meio de cultura foi substituído no sexto dia para evitar acúmulo de sais nas placas.

4.2. Tratamento das plântulas de *A. thaliana* com flagelina e ácido abcísico

Após 12 dias de crescimento das plântulas nas condições descritas acima, o meio MS ½ força foi retirado das placas e substituído por meio MS ½ força fresco contendo os tratamentos. Para o tratamento com flg22 foi utilizada a concentração de 1 µM e para o ABA 3 µM. Foi avaliada também a resposta ao tratamento concomitante com o hormônio e flg22, onde as plântulas foram tratadas com ABA 3 µM durante 3 h, antes da adição de flg22 1 µM no meio de cultura. Os tratamentos foram mantidos durante 24 h. As plântulas controles foram mantidas em meio MS ½ força durante o mesmo período de tempo das plântulas em tratamento.

4.3. Análises proteômicas

4.3.1. Extração das proteínas totais

Para a análise proteômica, foram utilizadas 360 plantas de *A. thaliana* por amostra (controle, Flg22, ABA e ABA+Flg22) divididas em três réplicas biológicas de 120 plantas cada. A parte aérea e as raízes foram seccionadas com o auxílio de lâmina de bisturi e coletadas separadamente. Em seguida, as raízes foram maceradas em nitrogênio líquido utilizando

almofariz e pistilo e alíquotas de 300 mg de tecido pulverizado foram utilizadas para a extração de proteínas totais. As proteínas totais foram extraídas seguindo a metodologia descrita por (Damerval et al., 1986). O tampão de extração consistiu em TCA 10% em acetona com 20mM de Dithiothreitol (DTT). Em microtubos, 1 mL do tampão de extração foi adicionado às amostras. As amostras foram vortexadas e incubadas a -20 °C durante 60 min, seguidas por uma etapa de centrifugação a 20.000 x g durante 30 min a 4°C. Os sobrenadantes foram descartados e os *pellets* lavados três vezes em acetona com 20 mM de DTT. Em seguida, os *pellets* foram ressuspendidos em 500 μ L de tampão contendo 7 M Ureia, 2 M Tioureia, 2% Triton X-100, 1% DTT, 1 mM Fluoreto de fenilmetanossulfônico (PMSF) e 5 μ M Pepstatina. As amostras foram vortexadas e incubadas em gelo por 30 min, seguidas por uma etapa de centrifugação a 16.000 x g durante 20 min a 4°C. Os sobrenadantes foram coletados e a concentração de proteínas totais foi mensurada utilizando o 2-D Quant Kit (GE Healthcare, Piscataway, NJ, USA) de acordo com as informações fornecidas pelo fabricante.

4.3.2. Digestão das proteínas totais

Antes de serem digeridas com tripsina, o volume das amostras foi ajustado para 100 μ L e, posteriormente, as amostras foram precipitadas pela adição de 400 μ L de metanol. Após a completa homogeneização, foi adicionado 100 μ L de clorofórmio às amostras. Para a separação das fases, foi adicionado 300 μ L de água em cada amostra, seguida de uma centrifugação a 14.000 x g durante 10 minutos. A fase superior foi descartada e foi adicionado 300 μ L de metanol. Após nova centrifugação, o sobrenadante foi descartado e o *pellet* seco à temperatura ambiente. A metodologia utilizada para digestão das proteínas totais foi a descrita por (Calderan-Rodrigues et al., 2014). Deste modo, foram adicionados 25 μ L de RapiGest® (Waters, Milford, CT, EUA) 0,2% (v/v) às amostras, que foram então brevemente vortexadas e incubadas em um Eppendorf Thermomixer® a 80°C durante 15 min. Em seguida, foi adicionado 2,5 μ L de DTT 100 mM (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, EUA) e os tubos foram vortexados e incubados a 60°C durante 30 min sob agitação. Posteriormente, foi adicionado 2,5 μ L de iodoacetamida (GE Healthcare) 300 mM, e as amostras foram vortexadas e depois incubadas no escuro durante 30 min à temperatura ambiente. A digestão foi realizada pela adição de 20 μ L de solução de tripsina (50 ng/ μ L, V5111, Promega, Madison, WI, EUA), preparada em bicarbonato de amônio 50 mM, e as amostras foram incubadas a 37°C *overnight*. Em seguida, para a precipitação do RapiGest®, foi adicionado 10 μ L de ácido trifluoroacético (TFA) (SigmaAldrich) 5% (v/v) e as amostras foram incubadas a 37°C durante 90 min, seguida

por uma etapa de centrifugação de 30 min a 16.000 x g. As amostras foram transferidas para tubos "Total Recovery Vials" (Waters), utilizando 1 ug de amostra para as análises de espectrometria de massas.

4.3.3. Análise de espectrometria de massas

Um UPLC (*Ultraperformance Liquid Chromatograph*) nanoAcquity conectado a um espectrômetro de massas Synapt G2-Si HDMS (Waters, Manchester, UK) foi utilizado para análise de ESI-LC-MS/MS (*Electrospray Ionization-Liquid Chromatography-Tandem Mass Spectrometry*). A etapa de cromatografia foi realizada pela injeção de 1 µL das amostras digeridas para normalizá-las antes da quantificação relativa de proteínas. A normalização entre as amostras foi baseada em medições estequiométricas da contagem total de íons (TIC) da corrida gerada, a fim de assegurar valores molares padronizados para todas as condições, utilizando o software *ProteinLynx Global Server 2.5.3* (PLGS, Waters, Milford, MA) contra o banco de dados do TAIR10 (<http://www.arabidopsis.org>), que contém 35.386 acessos (TAIR10_per_20101214; tamanho do arquivo: 20.006 KB). Após a normalização, os volumes de injeção foram ajustados para assegurar que quantidades iguais de proteínas fossem injetadas para cada amostra. Para a separação, as amostras foram carregadas no UPLC nanoAcquity 5 µm através da coluna trap C18 (180 µm x 20 mm) a 5 µL/min durante 3 minutos e, em seguida, no nanoAcquity por uma coluna analítica de fase reversa HSS T3 1,8 µm (75 µm x 150 mm), a 350 nL/min, com a temperatura da coluna a 60°C. Para a eluição dos peptídeos, foi utilizado um gradiente binário que consistiu na fase móvel A composta de água (Tedia, Fairfield, Ohio, EUA) e ácido fórmico 0,1% (Sigma-Aldrich), e a fase móvel B composta de acetonitrila (Sigma-Aldrich) e ácido fórmico 0,1 %. O gradiente de eluição iniciou com 7% de B durante 3 min, depois aumentou gradualmente de 7% a 40% de B até 90,09 minutos e entre 40% e 85% de B até 94,09 min, mantendo-se a 85% até 98,09 min, diminuindo depois para 7% de B até 100,09 min e mantidos a 7% de B constantemente até o fim em 108,09 min. A espectrometria de massas foi realizada em modo positivo e de resolução (modo V), 35.000 FWHM (*Full Width at Half Maximum*), com mobilidade iônica e em modo de aquisição independente de dados (DIA). A velocidade de onda IMS (*Ion-Mobility Spectrometry*) foi ajustada para 600 m/s; a energia de colisão de transferência aumentou de 19v para 45v em modo de alta energia; as voltagens de cone e de capilares foram de 30v e 2.800v, respectivamente; e a temperatura da fonte foi de 70°C. Em parâmetros TOF (*Time-Of-Flight*), o tempo de varredura foi ajustado para 0,5 s em modo contínuo, com um intervalo de massa de 50 a 2.000 Da.

[Glu1]fibrinopeptide B (Sigma-Aldrich) humano a 100 fmol/mL⁻¹ foi utilizado como um calibrador externo (Reis et al., 2016). Em todas as corridas a contagem total de íons (TIC) não foi adquirida durante os 10 min iniciais e 18 min finais para limpar os contaminantes e estabilizar o sistema.

4.3.4. Análises de bioinformática

Os dados provenientes do espectrômetro de massas foram processados e comparados com banco de dados pelo *software* ProteinLynx Global Server 2.5.3. Os parâmetros de intensidade para *low energy* e *high energy* foram otimizados individualmente utilizando o PLGS *Threshold Inspector*. A busca em bancos de dados foi feita utilizando o proteoma de *A. thaliana* (TAIR 10) com um FDR de 1%. Com o objetivo de quantificação *label free*, os dados de retenção de massas foram alinhados e analisados utilizando o *software* IsoQuant. As proteínas diferencialmente acumuladas foram selecionadas com base no *max fold* de pelo menos 1,5 e p <0,05 (teste ANOVA). O *software online* STRING (versão 11.0) foi utilizado para a anotação e obtenção das redes de associação funcional das proteínas aumentadas e reduzidas, utilizando os valores padrões estabelecidos pelo *software*.

Para estudo da intercomunicação entre as respostas desencadeadas por Flg22 e ABA, as proteínas reguladas em resposta ao tratamento simultâneo com ABA+Flg22 foram comparadas aos perfis proteómicos regulados por cada um dos eliciadores, quando aplicados individualmente. Proteínas que sofreram alteração de expressão, em “*fold change*”, superiores a 1,5x em consequência do co-tratamento, foram consideradas significativamente afetadas pela interação. Tais proteínas afetadas foram classificadas em não acumuladas diferencialmente, atenuadas ou intensificadas pela interação. Com o auxílio do *software online* STRING (versão 11.0), foram analisadas a interação do perfil de proteínas significativamente regulados pelos dois tratamentos.

5- RESULTADOS

5.1. Análise proteômica da resposta de raízes de *A. thaliana* à flg22

As análises proteômicas das raízes das plântulas controles e tratadas com flg22 permitiram a identificação de 690 proteínas. Destas, 120 foram reguladas pelo tratamento, sendo 83 aumentadas e 37 reduzidas (FIGURA 3). Além disso, 3 proteínas foram classificadas como únicas (identificadas apenas nas amostras tratadas com flg22) e 3 proteínas foram classificadas como ausentes (identificadas apenas nas amostras não tratadas) (ANEXO 1).

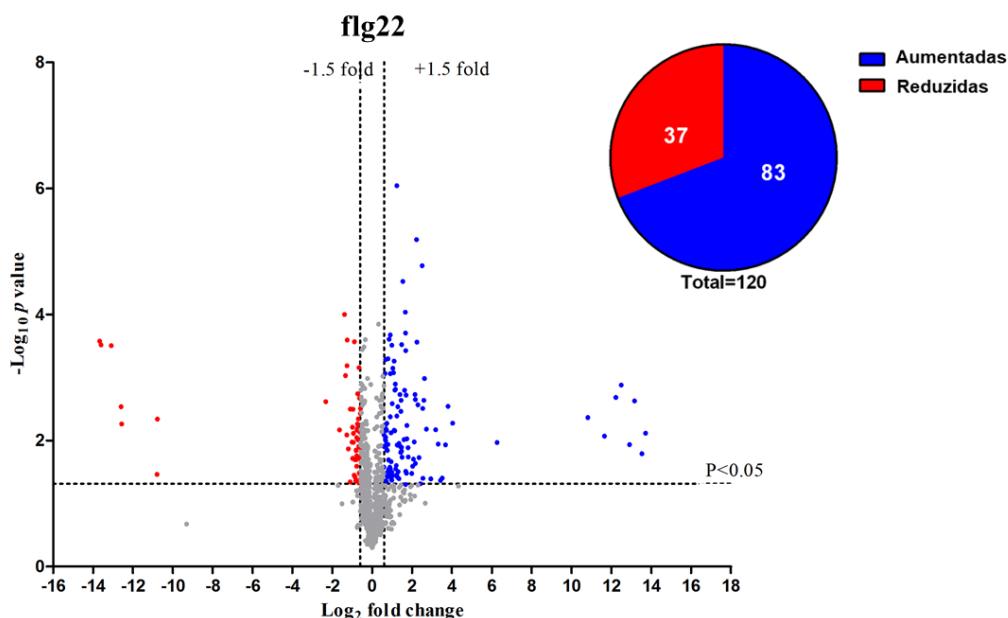


FIGURA 3: Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com flagelina. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração log₂ vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor -log₁₀ p). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas.

Entre as proteínas aumentadas pelo tratamento com flg22, 27 correspondem a proteínas relacionadas à defesa vegetal (TABELA 1). Dentre elas, destacam-se proteínas envolvidas na resposta ao estresse oxidativo: PRX33 (AT3G49110.1), PRX34 (AT3G49120.1), PRX37 (AT4G08770.1), PRX38 (AT4G08780.1), PRX39 (AT4G11290.1), PRX71 (AT5G64120.1), MDS1 (AT3G10920.2), DOX1 (AT3G01420.1), TPX2 (AT1G65970.1), GSTF2 (AT4G02520.1), GSTF6 (AT1G02930.1), GSTF7 (AT1G02920.1), GPX6 (AT4G11600.1); e defesa contra microrganismos: LRR (AT1G33590.1), HIR2 (AT3G01290.1), HEL-PR4

(AT3G04720.1), LPT1-PR14 (AT2G38540.1), CHI-B PR3 (AT3G12500.1), CHI-C PR11 (AT4G19810.1).

Além das proteínas características de resposta de defesa, grupos proteicos relacionados a outras vias foram também induzidos. Entre esses grupos destacamos proteínas da família de desidrinas, responsivas a estresses abióticos: ERD10 (AT1G20450.1), ERD14 (AT1G76180.1), RD17/COR47 /COR47 (AT1G20440.1); e as proteínas de remodelamento e conformação da cromatina: NAP1;2 (AT2G19480.1), NAP1;1 (AT4G26110.1), HTB11 (AT3G46030.1), H4 (AT1G07660.1), H2A.5 (AT5G27670.1), H2A.6-RAT5 (AT5G54640.1).

Adicionalmente, 31 das proteínas induzidas participam da maquinaria responsável pela síntese de proteínas, com ênfase às proteínas ribossomais, sugerindo que o tratamento com flg22 ocasiona o aumento da síntese proteica em raízes de *A. thaliana*.

Entre as proteínas reduzidas, 8 são envolvidas na resposta de defesa vegetal, destacando-se a resposta ao estresse oxidativo: PER73 (AT5G67400.1), PER45 (AT4G30170.1), CAT3 (AT1G20620.2); e biossíntese de glucosinolatos: SSU2 (AT2G43100.1). Além destas, observa-se grupos de proteínas da maquinaria de síntese e “folding” de proteínas: RPS3A (AT2G31610.1), RPS5A (AT3G11940.1), RPS20B (AT3G47370.2), NAC (AT3G12390.1), eEF-1B (AT5G12110.1), CCT3 (AT5G26360.1), HSP70S-15 (AT1G79920.1), GRP7 (AT2G21660.1); e proteínas estruturais: TUB6 (AT5G12250.1), TUB9 (AT4G20890.1), ACT7 (AT5G09810.1).

TABELA 1: Principais grupos de proteínas reguladas em raízes de *A. thaliana* pelo tratamento com flg22

Acesso	Função Molecular	Função molecular	Descrição funcional na defesa	Fold Change
PROTEÍNAS INDUZIDAS				
Estresse oxidativo				
AT3G49110.1	Peroxidase 33 (PRX33)	Peroxidase	Defesa contra microrganismo	4701,668
AT3G49120.1	Peroxidase 34 (PRX34)	Peroxidase	Defesa contra microrganismo	1,575
AT4G08770.1	Peroxidase 37 (PRX37)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	3,074
AT4G08780.1	Peroxidase 38 (PRX38)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	4,936
AT4G11290.1	Peroxidase 39 (PRX39)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	1,730
AT5G64120.1	Peroxidase 71 (PRX71)	Peroxidase	Defesa contra fungos	5,416
AT3G01420.1	Alpha-Dioxygenase 1 (DOX1)	Oxidoredutase	Defesa contra fungos	1,921
AT3G10920.2	Manganese superoxide dismutase 1 (MSD1)	Superoxido dismutase	Defesa contra bactéria	1,719
AT1G55020.1	Lipoxygenase 1 (LOX1)	Lipoxygenase	Defesa contra bactéria	11,118
AT1G65970.1	Thioredoxin-dependent peroxidase 2 (TPX2)	Tiorredoxina peroxidase	Sem função de defesa conhecida	2,072
AT4G02520.1	Glutathione S-transferase F2 (GSTF2)	Ligação da glutatona	Defesa contra microrganismo	5,052
AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6 (GSTF6)	Ligação da glutatona	Defesa contra bactéria	46,998
AT1G02920.1	Glutathione S-transferase F7 (GSTF7)	Ligação da glutatona	Defesa contra bactéria	7,243
AT4G11600.1	Glutathione peroxidase 6 (GPX6)	Glutatona peroxidase	Peroxidase	2,215
Defesa contra patógenos				
AT1G33590.1	Leucine-rich repeat (LRR)	Receptor de membrana	Receptor de reconhecimento de PAMP	1,829
AT3G01290.1	Hypersensitive Induced reaction 2 (HIR2)	Resposta a hipersensibilidade	Receptor de reconhecimento de PAMP	2,027
AT5G38930.1	Germin-like protein subfamily 1 member 10	Fortificação da parece celular	Associado a geração de peróxidos via enzimas SOD e OXO	2,421
AT5G38940.1	Germin-like protein subfamily 1 member 11	Fortificação da parece celular	Associado a geração de peróxidos via enzimas SOD e OXO	3,453
AT4G11650.1	Osmotin 34 (OSM34)	Função desconhecida	Defesa contra microrganismos	13,923
AT1G73260.1	Kunitz trypsin inhibitor 1 (KTI1)	Inibidor de serina proteinase	Antagonista da morte celular desencadeada por fitopatógenos	1,500
AT4G16260.1	Putative beta-1,3-endoglucanase	Endoglucosidase	Defesa contra fungos e nematoïdes	2,946
AT3G04720.1	Hevein-like (HEL - PR4)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	3,193
AT2G38540.1	Lipid transfer protein 1 (LTP1 - PR14)	Ligação de calmodulina	Proteína relacionada à patogênese	3,249
AT3G12500.1	Basic endochitinase B (CHI-B - PR3)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	2,303
AT4G19810.1	Class V chitinase (CHI-C - PR11)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	1,582

AT1G62380.1	ACC Oxidase 2 (ACO2)	Dioxigenase	Defesa contra microrganismos	4,852
Estresse abiótico				
AT1G76180.1	Early Responsive to Dehydration 14 (ERD14)	Ligação de mRNA	Sem função de defesa conhecida	2,582
AT1G13930.1	F7A19.2	Ligação de mRNA	Sem função de defesa conhecida	2,820
AT1G20450.2	Early Responsive to Dehydration 10 (ERD10)	Ligação da actina	Sem função de defesa conhecida	3,571
AT1G20440.1	Responsive to desiccation 17 (RD17)	Proteção a desidratação	Defesa contra fungos	2,924
AT3G12490.2	Cystatin B	Inibidora da cisteína proteinase	Defesa contra insetos e patógenos	2,079
Maquinaria de síntese de proteínas				
AT3G48930.1	40S ribosomal protein (RPS11A)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,190
AT1G04270.1	40S ribosomal protein (RPS15)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,935
AT1G33120.1	Ribosomal protein L6	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,809
AT3G02560.1	Ribosomal protein S7e	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,829
AT5G61170.1	Ribosomal protein S19e	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,856
AT2G40010.1	Ribosomal protein L10	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,784
AT4G27090.1	Ribosomal protein L14	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,940
AT2G37270.1	Ribosomal protein 5B (RPS5B)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,077
AT1G67430.1	Ribosomal protein L22p/L17e	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,206
AT2G16360.1	Ribosomal protein S25	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,798
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,819
AT2G21580.2	Ribosomal protein S25	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,925
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,926
AT5G04800.1	Ribosomal S17	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,933
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	2,940
AT2G44120.1	Ribosomal protein L30/L7	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,028
AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,080
AT4G25740.1	RNA binding Plectin/S10	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,092
AT3G13580.1	Ribosomal protein L30/L7	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,647
AT4G39200.2	Ribosomal protein S25	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,756
AT2G34480.1	Ribosomal protein L18	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,839
AT5G02870.2	Ribosomal protein L4/L1	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	3,999
AT5G15200.1	Ribosomal protein S4	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	4,436
AT1G22780.1	Ribosomal protein S13/S18 (RPS18A)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	4,737
AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	5,417

AT3G60770.1	Ribosomal protein S13/S15	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	5,954
AT2G01250.1	Ribosomal protein L30/L7	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	6,120
AT1G18540.1	Ribosomal protein L6	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	7,476
AT1G74050.1	Ribosomal protein L6	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	10,623
Remodelamento e conformação da cromatina				
AT2G19480.1	Nucleosome assembly protein 1;2 (NAP1;2)	Ligação de cromatina	Sem função de defesa conhecida	1,650
AT4G26110.1	Nucleosome assembly protein 1;1 (NAP1;1)	Ligação de cromatina	Sem função de defesa conhecida	1,710
AT3G46030.1	Histone H2B.7 (HTB11)	Ligação ao DNA	Ativa expressão de genes relacionados a defesa	4,310
AT1G07660.1	Histone H4 (H4)	Heterodimerização de proteínas	Sem função de defesa conhecida	7,767
AT5G27670.1	Histone H2A.5 (H2A.5)	Ligação ao DNA	Sem função de defesa conhecida	2,003
AT5G54640.1	Histone H2A.6 (H2A.6-RAT5)	Ligação ao DNA	Sem função de defesa conhecida	1,842
PROTEÍNAS REPRIMIDAS				
Estresse oxidativo				
AT5G67400.1	Peroxidase 73 (PER73)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	0,482
AT4G30170.1	Peroxidase 45 (PRX45)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	0,608
AT1G20620.2	Catalase 3 (CAT3)	Catalase	Sem função de defesa conhecida	0,614
Defesa contra microrganismos				
AT3G13790.2	Beta-fructofuranosidase	Invertase	Defesa contra fungos	0,567
AT5G20630.1	Germin-like protein (GLP3)	Fortificação da parede celular	Associado a geração de peróxidos via enzimas SOD e OXO	0,557
AT2G43100.1	Isopropylmalate isomerase 2 (IPMI2)	Isopropilmalato desidratase	Biossíntese de glucosinolato	0,590
AT1G68560.1	Alpha-xylosidase 1 (XYL1)	Clivagem e ligação de xiloglucanos	Manutenção da parede celular	0,366
Estresse abiótico				
AT2G21660.1	Glycine-rich RNA-binding protein 7 (GRP7)	Ligação de RNA	Resposta imune inata	0,665
AT1G79920.1	Heat shock 70 kDa protein 15 (HSP70-15)	Atividade ATPase	Sem função de defesa conhecida	0,647
Bossíntese de proteínas				
AT2G31610.1	40S ribosomal protein S3-1 (RPS3A)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	6,200E-01
AT3G11940.1	40S ribosomal protein S5 (RPS5)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,155E-05

AT3G47370.2	40S ribosomal protein S20 (RPS20B)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	6,666E-01
AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC)	Ligação de proteína não dobrada	Sem função de defesa conhecida	6,214E-01
AT5G12110.1	Elongation factor 1-beta 1 (eEF-1B)	Fator de alongamento da tradução	Sem função de defesa conhecida	0,001
AT5G26360.1	Chaperonin CCT3 (CCT3)	Ligação de proteína	Sem função de defesa conhecida	0,605
Proteínas estruturais				
AT5G12250.1	Tubulin beta-6 chain (TUB6)	Constituinte estrutural	Sem função de defesa conhecida	0,489
AT4G20890.1	Tubulin beta-9 chain (TUB9)	Ligação de GTP	Sem função de defesa conhecida	0,000
AT5G09810.1	Actin-7 (ACT7)	Constituinte estrutural	Sem função de defesa conhecida	0,615

5.2. Análise proteômica da resposta de raízes de *A. thaliana* ao ácido abscísico

As análises proteômicas das raízes de plântulas controles e tratadas com ácido abscísico levaram à identificação de 701 proteínas. Entre estas, 112 foram reguladas pelo tratamento, sendo 59 aumentadas e 53 reduzidas (FIGURA 4). Das proteínas reguladas, 9 proteínas foram classificadas como únicas e 4 proteínas foram classificadas como ausentes (ANEXO 2).

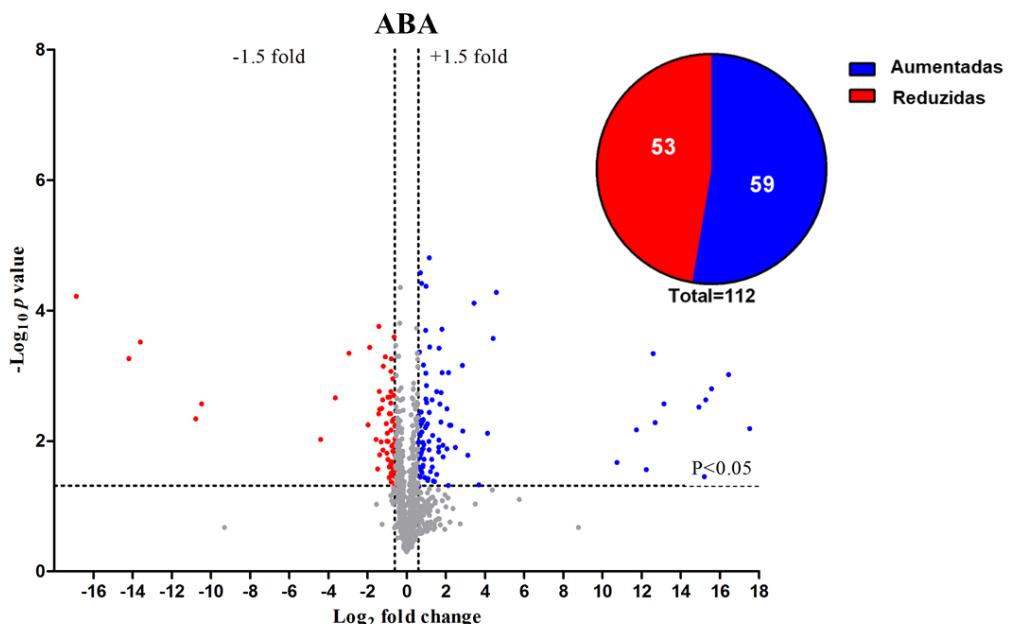


FIGURA 4: Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com ABA. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração \log_2 vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor $-\log_{10} p$). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas.

Dentre as proteínas aumentadas, 9 são típicas da resposta a ABA, sendo elas: LEA7 (AT1G52690.1); CHI-C PR11 (AT4G19810.1), MFT (AT1G18100.1), RD17/COR47 (AT1G20440.1), RD29A (AT5G52310.1), RD29B (AT5G52300.2), ALDH7B4 (AT1G54100.1) (TABELA 2). Além disso, a análise identificou 28 proteínas de resposta a estresse, destacando-se aquelas relacionadas à: a) estresse abiótico- ALDH12A1 (AT5G62530.1), PGM2 (AT1G70730.3), PGM3 (AT1G23190.1), HSP70 (AT3G12580.1), OSM34 (AT4G11650.1), PAL2 (AT3G53260.1), ROSY1 (AT2G16005.1), TIL (AT5G58070.1), CYSB (AT3G12490.2), RD19 (AT4G39090.1), RD21 (AT1G47128.1); b) estresse oxidativo- GPX6 (AT4G11600.1), CAT3 (AT1G20620.1), PRX34 (AT3G49120.1), DOX1 (AT3G01420.1).

Proteínas de defesa contra patógenos foram também aumentadas: HEL-PR4 (AT3G04720.1), CHI-B PR3 (AT3G12500.1), GACP2 (AT1G13440.1), CATHB3 (AT4G01610.1), LOX1 (AT1G55020.1), GSL-OH (AT2G25450.1).

Entre as proteínas reduzidas pelo tratamento com ABA, destacam-se proteínas de resposta: a) estresse oxidativo: GSTF7 (AT1G02920.1), GSTF6 (AT1G02930.1), PRX21 (AT2G37130.1), PRX27 (AT3G01190.1), PRX39 (AT4G11290.1), PRX69 (AT5G64100.1), PRX71 (AT5G64120.1), TRX5 (AT1G45145.1); b) estresse abiótico: HPS70-9 (AT4G37910.1), GRP7 (AT2G21660.1), BGLU21 (AT1G66270.1); c) defesa contra patógenos: IPMI1 (AT3G58990.1), IPMI2 (AT2G43100.1), IMDH1 (AT5G14200.1), HIR2 (AT3G01290.1).

TABELA 2: Principais grupos de proteínas reguladas em raízes de *A. thaliana* pelo tratamento com ABA

Acesso	Função Molecular	Função molecular	Descrição funcional na defesa	Fold Change
PROTEÍNAS INDUZIDAS				
Resposta a Ácido abscísico				
AT1G54100.1	Aldehyde dehydrogenase (ALDH7B4)	Aldeído desidrogenase	Sem função de defesa conhecida	1,886
AT1G20440.1	Responsive to desiccation 17 (RD17/COR47)	Ligação de cobre e níquel	Defesa contra fungos	4,635
AT4G19810.1	Class V chitinase (CHI-C - PR11)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	10,799
AT5G52310.1	Responsive to desiccation 29A (RD29A)	Resposta a desidratação	Resposta a bactérias simbióticas	80967,000
AT5G52300.2	Responsive to desiccation 29B (RD29B)	Resposta a desidratação	Sem função de defesa conhecida	39424,889
AT1G52690.1	Late embryogenesis abundant 7 (LEA7)	Resposta a desidratação	Sem função de defesa conhecida	187232,111
AT1G18100.1	Protein MOTHER of FT and TFL1 (MFT)	Resposta a desidratação	Sem função de defesa conhecida	4048,778
Estresse abiótico				
AT5G62530.1	Aldehyde dehydrogenase (ALDH12A1)	Desidrogenase	Sem função de defesa conhecida	2,027
AT1G70730.1	Phosphoglucomutase (PGM2)	Atividade fosfoglicomutase	Sem função de defesa conhecida	1,787
AT1G23190.1	Phosphoglucomutase (PGM3)	Atividade fosfoglicomutase	Sem função de defesa conhecida	1,646
AT3G12580.1	Heat shock protein 70 (HSP70)	Atividade ATPase	Defesa contra bactéria	1,939
AT3G53260.1	Phenylalanine ammonia-lyase (PAL2)	Amonia liase	Defesa contra microrganismos	2,256
AT2G16005.1	Interactor of Synaptotagmin 1 (ROSY1)	Ligação de esterol	Defesa contra microrganismos	6,918
AT5G58070.1	Temperature-induced lipocalin (TIL)	Reserva de nutrientes	Sem função de defesa conhecida	2,554
AT3G12490.1	Cystatin B	Inibidora da cisteína proteinase	Defesa contra insetos e patógenos	2,024
AT4G39090.1	Responsive to dehydration 19 (RD19)	Cisteína endopeptidase	Defesa contra bactéria	1,541
AT1G47128.1	Resposive to dehydration 21 (RD21)	Cisteína endopeptidase	Defesa contra fungos	1,781
Estresse oxidativo				
AT3G49120.1	Peroxidase 34 (PRX34)	Peroxidase	Defesa contra microrganismo	1,763
AT3G01420.1	Alpha-Dioxygenase 1 (DOX1)	Oxidoredutase	Defesa contra fungos	2,851
AT1G20620.4	Catalase 3 (CAT3)	Catalase	Sem função de defesa conhecida	1,563
AT4G11600.1	Glutathione peroxidase 6 (GPX6)	Glutationa peroxidase	Peroxidase	1,823
Defesa contra patógenos				
AT3G26450.1	Major latex protein putative		Defesa contra microrganismos	1,604
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport	Ligação do íon cobre	Defesa contra bactéria	1,797

AT1G55020.1	Lipoxygenase 1 (LOX1)	Lipoxigenase	Defesa contra bactéria	2,042
AT4G11650.1	Osmotin 34 (OSM34)	Função desconhecida	Defesa contra microrganismos	4,535
AT1G13440.1	Glyceraldehyde 3-fosfato dehydrogenase C2 (GAPC2)	Quebra de glicose, produção de energia	Defesa contra bactéria	1,567
AT4G01610.1	Cathepsin B-like protease 3 (CATHB3)	Endopeptidase	Defesa contra bactéria	3,319
AT3G04720.1	Hevein-like (HEL - PR4)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	1,754
AT3G12500.1	Basic endochitinase B (CHI-B - PR3)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	4,031
AT2G25450.1	Glucosinolate hydroxylase (GSL-OH)	Carboxilato oxidase	Biossíntese de glucosinolatos	3,485

PROTEÍNAS REPRIMIDAS

Estresse oxidativo

AT2G37130.2	Peroxidase 21 (PER21)	Peroxidase	Defesa contra fungos	0,403
AT3G01190.1	Peroxidase 27 (PRX27)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	0,641
AT4G11290.1	Peroxidase 39 (PRX39)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	0,566
AT5G64100.1	Peroxidase 69 (PRX69)	Peroxidase	Sem função de defesa conhecida	0,641
AT5G64120.1	Peroxidase 71 (PRX71)	Peroxidase	Defesa contra fungos	0,480
AT1G45145.1	Thioredoxin H5 (TRX5)	Oxidoredutase	Resposta a toxina microbiana	0,527
AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6 (GSTF6)	Ligação da glutatona	Defesa contra bactéria	0,000
AT1G02920.1	Glutathione S-transferase F7 (GSTF7)	Ligação da glutatona	Defesa contra bactéria	0,321

Defesa contra patógenos

AT3G01290.1	Hypersensitive Incuced reaction 2 (HIR2)	Resposta a hipersensibilidade	Receptor de reconhecimento de PAMP	0,146
AT1G62380.1	ACC Oxidase 2 (ACO2)	Dioxigenase	Defesa contra microrganismos	0,437
AT3G13790.1	Cell wall invertase 1 (CWI1)	Degradação da sacarose	Defesa contra fungos	0,495
AT3G58990.1	Isopropylmalate isomerase 1 (IPMI1)	Desidratase	Biossíntese de glucosinolatos	0,427
AT2G43100.1	Isopropylmalate isomerase 2 (IPMI2)	Isopropilmalato desidratase	Biossíntese de glucosinolato	0,256
AT5G14200.2	Isopropylmalate dehydrogenase 1 (IMDH1)	Desidrogenase	Biossíntese de glucosinolatos	0,534
AT4G13430.1	Isopropylmalate isomerase (IIL1)	Isopropilmalato desidratase	Biossíntese de glucosinolatos	0,638

Estresse abiótico

AT4G37910.1	Heat shock proteína 70-9 (HPS70-9)	Atividade ATPase	Sem função de defesa conhecida	0,628
AT1G66270.1	Beta-glucosidase (BGLU21)	Beta glucosidase	Sem função de defesa conhecida	0,430
AT2G21660.1	Glycine-rich RNA-binding protein 7 (GRP7)	Ligação de RNA	Resposta imune inata	0,629

5.3. Respostas proteômicas disparadas por Flg22 em raízes são antagonizadas por ABA

No intuito de avaliar o efeito do ABA sobre a resposta ativada por flg22, raízes de plântulas de *A. thaliana*, aos 12 dias de idade, foram tratadas durante 3 horas com 3 μ M ABA e, em seguida, expostas à 1 μ M de flg22. Após 24 horas, a análise proteômica de raízes tratadas com ABA+flg22 identificou 701 proteínas. Entre elas, 130 proteínas foram reguladas, sendo 64 proteínas aumentadas e 66 reduzidas (FIGURA 5). Além disso, 9 proteínas foram classificadas como únicas e 3 proteínas foram classificadas como ausentes (ANEXO 3).

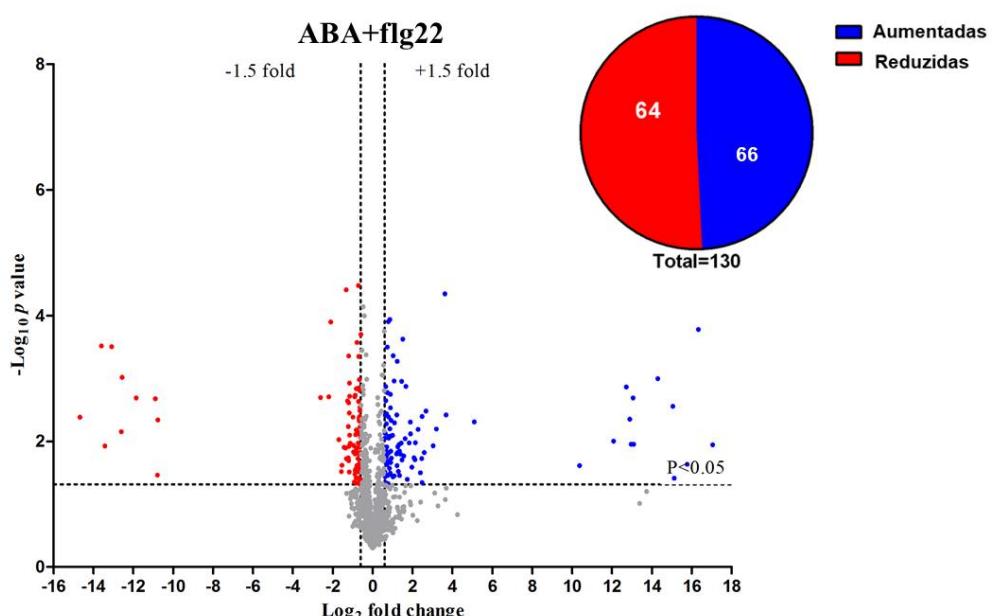


FIGURA 5: Gráfico Volcano de todas as proteínas identificadas e representação gráfica das porcentagens de DAPs de raízes de *A. thaliana* tratadas com ABA+flg22. Os pontos representam a acumulação diferencial (alteração \log_2 vezes) de proteínas identificadas em função da significância estatística (valor $-\log_{10} p$). Os pontos vermelhos e azuis representam proteínas diferencialmente acumulados para baixo e para cima, respectivamente, e os pontos cinza representam proteínas não reguladas.

Ao contrastar as proteínas reguladas pelos tratamentos com flg22 (120) com ABA+flg22 (130), observamos que 96 das proteínas (80%) de resposta a flg22 tiveram sua regulação afetada por ABA, enquanto apenas 24 proteínas (20%) apresentaram sua regulação independente de ABA (FIGURA 6A).

As 96 proteínas de resposta a Flg22 cuja regulação foi afetada por ABA foram então classificadas em 2 grupos, sendo eles: proteínas cuja regulação é antagonizada por ABA (89 proteínas), e aquelas cuja regulação é intensificada por ABA (7 proteínas) (FIGURA 6B).

O grupo de proteínas de resposta a flg22 cuja regulação é antagonizada por ABA consiste de proteínas que não apresentaram acúmulo diferencial (85 proteínas), não havendo a regulação por flg22 na presença de ABA, e por proteínas cuja resposta a flg22 foi atenuada (4 proteínas). Dentre as 85 proteínas cuja resposta a flg22 foi antagonizada na presença de ABA, 65 proteínas eram induzidas e 20 proteínas reprimidas, quando flg22 foi aplicada isoladamente (FIGURA 6B 1-3).

Entre as 65 proteínas cuja indução por flg22 é antagonizada na presença de ABA, podemos destacar 27 proteínas da maquinaria de síntese de proteínas e 11 proteínas relacionadas a defesa vegetal, com ênfase às proteínas envolvidas na contrarresposta ao estresse oxidativo: PRX37 (AT4G08770.1), PRX38 (AT4G08780.1), PRX39 (AT4G11290.1), TPX2 (AT1G65970.1), GSTF7 (AT1G02920.1), GSTF6 (AT1G02930.1), GSTF2 (AT4G02520.1); e proteínas de defesa contra microrganismos: LRR (AT1G33590.1), LPT1-PR14 (AT2G38540.1), HIR2 (AT3G01290.1). Entre as 20 proteínas cuja repressão por flg22 é antagonizada por ABA, destacam-se as proteínas da maquinaria de síntese e conformação de proteínas: CCT4 (AT3G18190.1), CCT3 (AT5G26360.1), RPS20B (AT3G47370.1), NAC (AT3G12390.1), eEF-1B (AT5G12110.1); e componentes do citoesqueleto: TUB9 (AT4G20890.1) e ACT7 (AT5G09810.1).

Adicionalmente, entre as proteínas cuja resposta a flg22 foi antagonizada na presença de ABA, observamos que 5 foram induzidas por ambos compostos, flg22 e ABA, quando tratados isoladamente, mas não há acúmulo de proteínas no tratamento conjunto de ABA+flg22. Este grupo é composto pelas proteínas da maquinaria de síntese de proteínas: RPS5B (AT2G37270.2) e UBQ12 (AT1G55060.1); e pelas demais proteínas: Desidrina RD17/COR47 (AT1G20440.1); ATPase vacuolar: VHA-E3 (AT1G64200) e Cistatina 6: CYSB (AT3G12490.2). Por outro lado, as proteínas HIR2 (AT3G01290.1), de defesa contra patógenos e NUC-L1 (AT1G48920.1), envolvida no processamento de RNA e montagem de ribossomos, apesar de serem aumentadas por flg22, foram reduzidas no tratamento isolado de ABA e consequentemente, não apresentaram acúmulo diferencial no tratamento ABA+flg22.

Algumas proteínas de resposta a flg22 tiveram sua regulação atenuada após o tratamento com ABA (FIGURA 6B 4). Tal atenuação da resposta ocorreu para 4 proteínas. Dentre elas, 3 tiveram a indução atenuada: as OMS34 (AT4G11650.1) e LOX1 (AT1G55020.1) que participam da defesa contra patógenos, e NACA3 (AT5G13850.1) da maquinaria de síntese proteína. A proteína XYL1 (AT1G68560.1), que atua na estruturação de parede celular, teve sua repressão por flg22 atenuada.

A regulação de 7 proteínas de resposta a flg22 foi intensificada na presença de ABA. Dentre essas, 6 proteínas tiveram sua indução intensificada. Tais proteínas são envolvidas em: defesa vegetal, atuando na resposta a microrganismos CHI-C PR11 (AT4G19810.1) e CHI-B PR3 (AT3G12500.1); e estresse oxidativo: PRX33 (AT3G49110.1), DOX1 (AT3G01420.1), PRX34 (AT3G49120.1). Uma proteína, SSU2 (AT2G43100.1), teve sua repressão intensificada por ABA (FIGURA 6B 5).

O grupo das proteínas reguladas por flg22 cuja expressão é independente de ABA consiste de 24 proteínas, que não tiveram alteração significativa em seus níveis de resposta a flg22, após tratamento ABA+flg22. Entre elas, 10 atuam na resposta vegetal, com destaque para as proteínas de resposta ao estresse oxidativo MDS1 (AT3G10920.2), PRX71 (AT5G64120.), PRX45 (AT4G30170.1), PRX73 (AT5G67400.1), GPX6 (AT4G11600.1) e resposta a microrganismos: HEL-PR4 (AT3G04720.1), KTI4 (AT1G73260.1), GPR7 (AT2G21660.1).

Os resultados apresentados sugerem um drástico efeito antagônico do ácido abscísico sobre a resposta a flagelina em raízes.

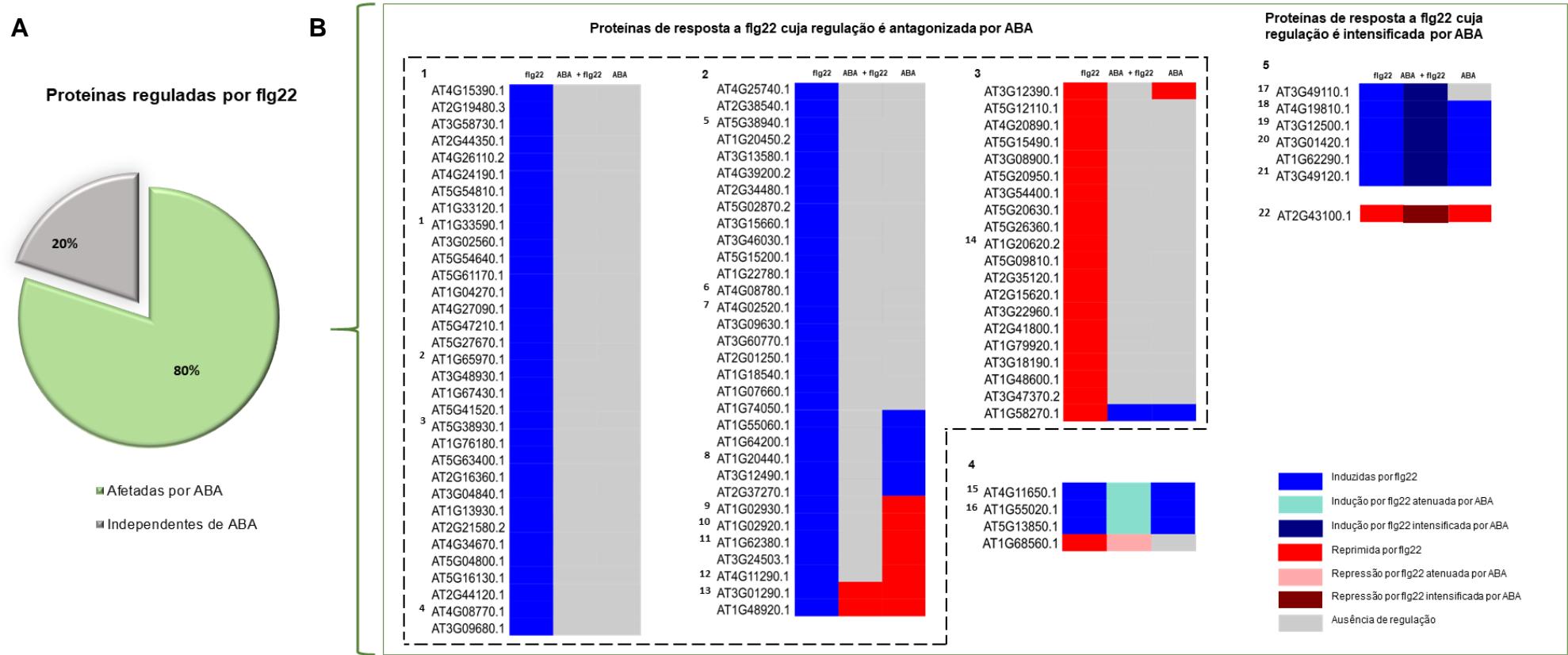


FIGURA 6: Classificação das proteínas afetadas pelo tratamento com ABA+flg22. A) Porcentagem de proteínas de resposta a flg22 cuja regulação é afetada, ou não, pela interação com ABA. B) Grupos de proteínas de resposta a Flg22 em que mediante ABA não houve acúmulo diferencial de proteínas (B1-3), a regulação é atenuada (B4) ou intensificada (B5) por ABA.

TABELA 3. 1: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por ABA (Referente Figura 6B1).

Acesso	Nome	flg22	ABA+flg22	ABA
AT4G15390.1	HSR201-like protein	1,639	ANTAGONIZADA	
AT2G19480.3	Nucleosome assembly protein 12 (NAP1:2)	1,650	ANTAGONIZADA	
AT3G58730.1	V-ATPase family (VHA-D)	1,664	ANTAGONIZADA	
AT2G44350.1	Citrate synthase 4 (CSY4)	1,706	ANTAGONIZADA	
AT4G26110.2	Nucleosome assembly protein 11 (NAP1:1)	1,710	ANTAGONIZADA	
AT4G24190.1	Endoplasmic reticulum protein HSP90-7	1,719	ANTAGONIZADA	
AT5G54810.1	Tryptophan synthase beta chain 1 (TSB1)	1,767	ANTAGONIZADA	
AT1G33120.1	60S ribosomal protein L9-1 (RPL9B)	1,809	ANTAGONIZADA	
1 AT1G33590.1	Leucine-rich repeat (LRR)	1,829	ANTAGONIZADA	
AT3G02560.1	40S ribosomal protein S7-2 (RPS7B)	1,829	ANTAGONIZADA	
AT5G54640.1	Histone H2A.6 (HT2A6/RAT5)	1,842	ANTAGONIZADA	
AT5G61170.1	40S ribosomal protein S19-3 (RPS19)	1,856	ANTAGONIZADA	
AT1G04270.1	40S ribosomal protein S15-1 (RPS15A)	1,935	ANTAGONIZADA	
AT4G27090.1	Ribosomal protein L14	1,940	ANTAGONIZADA	
AT5G47210.1	RGG repeat protein C de ligação a RNA nuclear	1,979	ANTAGONIZADA	
AT5G27670.1	Histone H2A.5 (H2A.5)	2,003	ANTAGONIZADA	
2 AT1G65970.1	Thioredoxin-dependent peroxidase 2 (TPX2)	2,072	ANTAGONIZADA	
AT3G48930.1	40S ribosomal protein (RPS11A)	2,190	ANTAGONIZADA	
AT1G67430.1	Ribosomal protein L22p/L17e	2,206	ANTAGONIZADA	
AT5G41520.1	40S ribosomal protein S10-2	2,246	ANTAGONIZADA	
3 AT5G38930.1	Germin-like protein subfamily 1 member 10	2,421	ANTAGONIZADA	
AT1G76180.1	Early Responsive to Dehydration 14 (ERD14)	2,582	ANTAGONIZADA	
AT5G63400.1	Adenylate Kinase (ADK1)	2,651	ANTAGONIZADA	
AT2G16360.1	Ribosomal protein S25	2,798	ANTAGONIZADA	
AT3G04840.1	Ribosomal protein S3Ae	2,819	ANTAGONIZADA	
AT1G13930.1	F7A19.2	2,820	ANTAGONIZADA	
AT2G21580.2	Ribosomal protein S25	2,925	ANTAGONIZADA	
AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae	2,926	ANTAGONIZADA	
AT5G04800.1	Ribosomal protein S17	2,933	ANTAGONIZADA	
AT5G16130.1	Ribosomal protein S7e	2,940	ANTAGONIZADA	
AT2G44120.1	Ribosomal protein L30/L7	3,028	ANTAGONIZADA	
4 AT4G08770.1	Peroxidase 37 (PRX37)	3,074	ANTAGONIZADA	
AT3G09680.1	Ribosomal protein S12/S23	3,080	ANTAGONIZADA	

TABELA 3. 2: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por ABA (Referente Figura 6B2)

Acesso	Nome	flg22	ABA+flg22	ABA
AT4G25740.1	RNA binding Plectin/S10	3,092	ANTAGONIZADA	
AT2G38540.1	Lipid transfer protein 1 (LTP1 - PR14)	3,249	ANTAGONIZADA	
5 AT5G38940.1	Germin-like protein subfamily 1 member 11	3,453	ANTAGONIZADA	
AT1G20450.2	Early Responsive to Dehydration 10 (ERD10)	3,571	ANTAGONIZADA	
AT3G13580.1	Ribosomal protein L30/L7	3,647	ANTAGONIZADA	
AT4G39200.2	Ribosomal protein S25	3,756	ANTAGONIZADA	
AT2G34480.1	Ribosomal protein L18	3,839	ANTAGONIZADA	
AT5G02870.2	Ribosomal protein L4/L1	3,999	ANTAGONIZADA	
AT3G15660.1	Glutaredoxin S15	4,283	ANTAGONIZADA	
AT3G46030.1	Histone H2B.7 (HTB11)	4,310	ANTAGONIZADA	
AT5G15200.1	Ribosomal protein S4	4,436	ANTAGONIZADA	
AT1G22780.1	Ribosomal protein S13/S18 (RPS18A)	4,737	ANTAGONIZADA	
6 AT4G08780.1	Peroxidase 38 (PRX38)	4,936	ANTAGONIZADA	
7 AT4G02520.1	Glutathione S-transferase F2 (GSTF2)	5,052	ANTAGONIZADA	

	AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1	5,417	ANTAGONIZADA	
	AT3G60770.1	Ribosomal protein S13/S15	5,954	ANTAGONIZADA	
	AT2G01250.1	Ribosomal protein L30/L7	6,120	ANTAGONIZADA	
	AT1G18540.1	Ribosomal protein L6	7,476	ANTAGONIZADA	
	AT1G07660.1	Histone H4 (H4)	7,767	ANTAGONIZADA	
	AT1G74050.1	Ribosomal protein L6	10,623	ANTAGONIZADA	
	AT1G55060.1	Poliubiquitina 12 (UBQ12)	1,556	ANTAGONIZADA	1,7353
	AT1G64200.1	ATPase subunit E3	3153,111	ANTAGONIZADA	5279,0749
8	AT1G20440.1	Responsive to desiccation 17 (RD17)	2,924	ANTAGONIZADA	4,6350
	AT3G12490.1	Cysteine proteinase inhibitor	2,080	ANTAGONIZADA	2,0238
	AT2G37270.1	Ribosomal protein 5B (RPS5B)	2,077	ANTAGONIZADA	2,0018
9	AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6 (GSTF6)	46,998	ANTAGONIZADA	0,0003
10	AT1G02920.1	Glutathione S-transferase F7 (GSTF7)	7,243	ANTAGONIZADA	0,3215
11	AT1G62380.1	ACC OXIDASE 2 (ACO2)	4,852	ANTAGONIZADA	0,4372
	AT3G24503.1	Aldehyde dehydrogenase 2c4 (ALDH2C4)	1,954	ANTAGONIZADA	0,5522
12	AT4G11290.1	Peroxidase 39 (PRX39)	1,730	ANTAGONIZADA	0,5656
13	AT3G01290.1	Hypersensitive Incuced reaction 2 (HIR2)	2,027	0,3536	0,1461
	AT1G48920.1	Nucleolin 1 (NUC-L1)	1,677	0,4197	0,5819

TABELA 3. 3: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é antagonizada por aba (Referente Figura 6B3)

	Acesso	Nome	flg22	ABA+flg22	ABA
	AT3G12390.1	Nascent polypeptide-associated complex (NAC)	0,621	ANTAGONIZADA	0,5695
	AT5G12110.1	Elongation factor 1-beta 1 (eEF-1B)	0,001	ANTAGONIZADA	
	AT4G20890.1	Tubulin beta-9 chain (TUB9)	0,000	ANTAGONIZADA	
	AT5G15490.1	UDP glucose 6 dehydrogenase 3 (UGD3)	0,384	ANTAGONIZADA	
	AT3G08900.1	Reversibly glycosylated polypeptide 3 (RGP3)	0,426	ANTAGONIZADA	
	AT5G20950.1	Beta glucan exohydrolase-like	0,456	ANTAGONIZADA	
	AT3G54400.1	Eukaryotic aspartyl protease family	0,536	ANTAGONIZADA	
	AT5G20630.1	Germin-like protein (GLP3)	0,557	ANTAGONIZADA	
	AT5G26360.1	Chaperonin CCT3 (CCT3)	0,605	ANTAGONIZADA	
14	AT1G20620.2	Catalase 3 (CAT3)	0,614	ANTAGONIZADA	
	AT5G09810.1	Actin-7 (ACT7)	0,615	ANTAGONIZADA	
	AT2G35120.1	Glycine cleavage system H2 (GDH2)	0,616	ANTAGONIZADA	
	AT2G15620.1	Ferredoxin nitrite reductase (NIR1)	0,619	ANTAGONIZADA	
	AT3G22960.1	Plastidial pyruvate kinase 1	0,637	ANTAGONIZADA	
	AT2G41800.1	TEB	0,640	ANTAGONIZADA	
	AT1G79920.1	Heat shock 70 kDa protein 15 (HSP70-15)	0,647	ANTAGONIZADA	
	AT3G18190.1	Chaperonin T-complex 4 (CCT4)	0,652	ANTAGONIZADA	
	AT1G48600.1	Phosphomethylethanolamine N-methyltransferase	0,662	ANTAGONIZADA	
	AT3G47370.2	40S ribosomal protein S20 (RPS20B)	0,667	ANTAGONIZADA	0,970
	AT1G58270.1	ZW9	0,666	2,131	2,433

TABELA 3. 4: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é atenuada por ABA (Referente Figura 6B4)

	Acesso	Nome	flg22	ABA+flg22	ABA
15	AT4G11650.1	Osmotin 34 (OSM34)	13,923	9,261	4,535
16	AT1G55020.1	Lipoxygenase 1 (LOX1)	11,118	1,597	2,042
	AT5G13850.1	Nascent polypeptide-associated (NACA3)	49564,422	15588,954	42554,055
	AT1G68560.1	Alpha-xylosidase 1 (XYL1)	0,366	0,636	0,706

TABELA 3. 5: Proteínas de resposta à flg22 cuja regulação é intensificada por ABA (Referente Figura 6B5)

Acesso	Nome	flg22	ABA+flg22	ABA
17 AT3G49110.1	Peroxidase 33 (PRX33)	4701,668	7434,913	
18 AT4G19810.1	Class V chitinase (CHI-C - PR11)	1,582	21,294	10,799
19 AT3G12500.1	Basic endochitinase B (CHI-B - PR3)	2,303	6,005	4,031
20 AT3G01420.1	Alpha-Dioxygenase 1 (DOX1)	1,921	3,589	2,851
	AT1G62290.1 Aspartic proteinase A2	1,844	2,971	2,274
21 AT3G49120.1	Peroxidase 34 (PRX34)	1,575	2,576	1,763
22 AT2G43100.1	Isopropylmalate isomerase 2 (IPMI2)	0,590	0,243	0,256

5.4. Respostas proteômicas disparadas por ABA em raízes são parcialmente antagonizadas por flg22

A avaliação do efeito da flg22 sobre as respostas desencadeadas por ABA em raízes de plantas de *A. thaliana* foi realizada através da comparação dos perfis proteômicos gerados pelo tratamento com ácido abscísico e o tratamento combinado de ABA+flg22.

Ao contrastar as proteínas reguladas pelos tratamentos com ABA (112 proteínas) e com ABA+flg22 (130 proteínas), observamos que 47 das proteínas (42%) de resposta a ABA tiveram sua regulação afetada na presença de flg22, enquanto 65 proteínas (58%) apresentaram sua regulação independente de flg22 (FIGURA 7A).

As 47 proteínas de resposta a ABA cuja regulação foi afetada por flg22 foram então classificadas em 2 grupos, sendo eles: proteínas cuja regulação é antagonizada por flg22 (40 proteínas), e aquelas cuja regulação é intensificada por flg22 (7 proteínas) (FIGURA 7B).

O grupo de proteínas cuja resposta a ABA é antagonizada por flg22, envolve proteínas que não apresentaram acúmulo diferencial (36 proteínas), onde regulação por ABA deixou de ocorrer, e por proteínas cuja resposta a ABA foi atenuada (4 proteínas) (FIGURA 7B 1 e 3). Dentro as 36 proteínas reguladas por ABA em que deixa de haver o acúmulo diferencial na presença de flg22, 15 proteínas foram induzidas e 21 proteínas são reduzidas quando o tratamento por ABA foi realizado isoladamente (FIGURA 7B 1-2).

Entre as proteínas induzidas, mas que não apresentaram acúmulo diferencial na presença de flg22, destacam-se as proteínas de resposta a estresse abiótico: RD17/COR47 (AT1G20440.1), RD19 (AT4G39090.1), CYSB (AT3G12490.1), GAPC2 (AT1G13440.2), CAT3 (AT1G20620.4). A proteína RD17/COR47 (AT1G20440.1) pertence à família de desidrina com resposta característica ao ABA, estresse abiótico e biótico. Entre as proteínas reduzidas por ABA, que não apresentaram acúmulo diferencial na presença de flg22, 10 proteínas são de resposta a estresses, destacando-se proteínas de resposta a estresse oxidativo:

GSTF6 (AT1G02930.1), GSTF7 (AT1G02920.1), CTR1A (AT1G56340.2), PRX39 (AT4G11290.1), TRX5 (AT1G45145.1).

Cinco proteínas de resposta a ABA tiveram sua regulação atenuada na presença de flg22 (FIGURA 7B 3). Dentre elas, a proteína RD29B (AT5G52300.2), componente de vias ativadas por ácido abscísico em resposta a diferentes estímulos ambientais, e HIR2 (AT3G01290.1) de associação ao receptor RPS2 de reconhecimento de PAMP.

A regulação de 7 proteínas de resposta a ABA foi intensificada pelo tratamento conjunto com flg22 (FIGURA 7B 4). Entre elas, 5 proteínas foram induzidas por ABA e intensificadas na presença de flg22, incluindo proteínas relacionadas a defesa a patógenos bacterianos, como FDH1 (AT5G14780.1) desidrogenase, HEL PR4 (AT3G04720.1) e CHI-C PR11 (AT4G19810.1). A proteína CDC48 (AT3G53230.1) foi reprimida por ABA, e tive tal resposta intensificada na presença de flg22.

Um grupo de 65 proteínas reguladas por ABA (36 induzidas e 29 reduzidas) não apresentaram alteração significativa de expressão após o tratamento ABA+flg22. Entre as proteínas induzidas, 4 são características da resposta ao ABA, sendo elas: ALDH7B4 (AT1G54100.1), RD29A (AT5G52310.1), LEA7 (AT1G52690.1), MFT (AT1G18100.1). Entre as proteínas reduzidas destacam-se proteínas de resposta ao estresse oxidativo: PRX69 (AT5G64100.1), PRX21 (AT2G37130.1), PRX27 (AT3G01190.1); defesa contra patógenos: CHI-C PR11 (AT4G19810.1), OSM34 (AT4G11650.1); e proteínas da maquinaria de síntese proteica: RACK1B (AT1G48630.1), HDA3 (AT3G44750.1), HSP70-9 (AT4G37910.1).

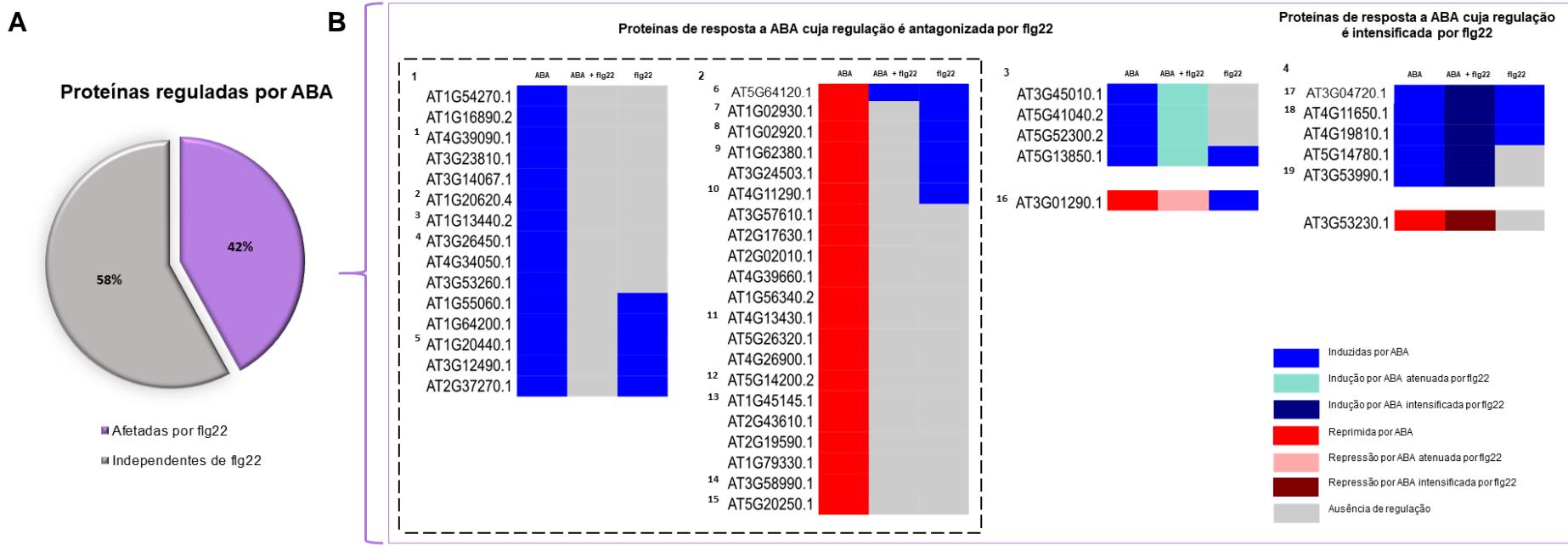


FIGURA 7: Classificação das proteínas afetadas pelo tratamento com ABA+flg22. A) Porcentagem de proteínas de resposta a ABA cuja regulação é afetada, ou não, pela interação com flg22. B) Grupos de proteínas de resposta a ABA em que mediante flg22 não houve acúmulo diferencial de proteínas (B1-2), a regulação é atenuada (B3) ou intensificada (B4) por flg22.

TABELA 4. 1: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é antagonizada por flg22 (Referente Figura 7B1)

	Acesso	Nome	ABA	ABA+flg22	flg22
	AT1G54270.1	Eukaryotic initiation factor 4A-2	1,513	ANTAGONIZADA	
	AT1G16890.2	Ubiquitin-conjugating (UBC36)	1,536	ANTAGONIZADA	
1	AT4G39090.1	Responsive to dehydration 19 (RD19)	1,541	ANTAGONIZADA	
	AT3G23810.1	S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase 2	1,548	ANTAGONIZADA	
	AT3G14067.1	Subtilisin protease	1,556	ANTAGONIZADA	
2	AT1G20620.4	Catalase 3 (CAT3)	1,563	ANTAGONIZADA	
3	AT1G13440.2	Glyceraldehyde 3-fosfato dehydrogenase C2 (GAPC2)	1,567	ANTAGONIZADA	
4	AT3G26450.1	Major latex protein putative	1,604	ANTAGONIZADA	
	AT4G34050.1	Caffeoyl-CoA O-methyltransferase 1	1,689	ANTAGONIZADA	
	AT3G53260.1	Phenylalanine ammonia-lyase (PAL2)	2,256	ANTAGONIZADA	
	AT1G55060.1	Ubiquitin 12 (UBQ12)	1,735	ANTAGONIZADA	1,556
	AT1G64200.1	Vacuolar ATPase	5279,075	ANTAGONIZADA	3153,111
5	AT1G20440.1	Responsive to desiccation 17 (RD17/COR47)	4,635	ANTAGONIZADA	2,924
	AT3G12490.1	Phytocystatin 6	2,024	ANTAGONIZADA	2,080
	AT2G37270.1	Ribosomal protein 5B	2,002	ANTAGONIZADA	2,077

TABELA 4. 2: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é antagonizada por flg22 (Referente Figura 7B2)

	Acesso	Nome	ABA	ABA+flg22	flg22
6	AT5G64120.1	Peroxidase 71 (PRX71)	0,4804	4,16E+00	5,416373448
7	AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6 (GSTF6)	0,000	ANTAGONIZADA	46,998
8	AT1G02920.1	Glutathione S-transferase F7 (GSTF7)	0,321	ANTAGONIZADA	7,243
9	AT1G62380.1	ACC OXIDASE 2 (ACO2)	0,437	ANTAGONIZADA	4,852
	AT3G24503.1	Aldehyde dehydrogenase	0,552	ANTAGONIZADA	1,954
10	AT4G11290.1	Peroxidase 39 (PRX39)	0,566	ANTAGONIZADA	1,730
	AT3G57610.1	Adenylosuccinate synthetase	0,662	ANTAGONIZADA	
	AT2G17630.1	Phosphoserine aminotransferase 2	0,648	ANTAGONIZADA	
	AT2G02010.1	Glutamate decarboxylase 4	0,644	ANTAGONIZADA	
	AT4G39660.1	Alanine glyoxylate aminotransferase	0,642	ANTAGONIZADA	
	AT1G56340.2	Calreticulin	0,641	ANTAGONIZADA	
11	AT4G13430.1	Isopropylmalate isomerase (IIL1)	0,638	ANTAGONIZADA	
	AT5G26320.1	TRAF-like	0,630	ANTAGONIZADA	
	AT4G26900.1	Imidazole glycerol phosphate synthase	0,608	ANTAGONIZADA	
12	AT5G14200.2	Isopropylmalate dehydrogenase 1 (IMDH1)	0,534	ANTAGONIZADA	
13	AT1G45145.1	Thioredoxin H5 (TRX5)	0,527	ANTAGONIZADA	
	AT2G43610.1	Endochitinase	0,524	ANTAGONIZADA	
	AT2G19590.1	Aminocyclopropane Carboxylate oxidase 1	0,461	ANTAGONIZADA	
	AT1G79330.1	Metacaspase-5	0,448	ANTAGONIZADA	
14	AT3G58990.1	Isopropylmalate isomerase 1 (IPMI1)	0,427	ANTAGONIZADA	
15	AT5G20250.1	Isopropylmalate isomerase 1 (IPMI1)	0,000	ANTAGONIZADA	

TABELA 4. 3: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é atenuada por flg22 (Referente Figura 7B3)

	Acesso	Nome	ABA	ABA+flg22	flg22
	AT3G45010.1	Serine carboxypeptidase-like 48	5,089	3,052	
	AT5G41040.2	Feruloyl-CoA transferase	16,003	7,621	
	AT5G52300.2	Responsive to desiccation 29B (RD29B)	39424,889	23393,444	
	AT5G13850.1	Nascent polypeptide-associated complex	42554,055	15588,954	49564,422
16	AT3G01290.1	Hypersensitive Induced reaction 2 (HIR2)	0,1461	0,3536	2,0267

TABELA 4. 4: Proteínas de resposta à ABA cuja regulação é intensificada por flg22 (Referente Figura 7B4)

	Acesso	Nome	ABA	ABA+flg22	flg22
17	AT4G11650.1	Osmotin 34 (OSM34)	4,535	9,261	13,923
18	AT4G19810.1	Class V chitinase (CHI-C - PR11)	10,799	21,294	1,582
	AT5G14780.1	Formate dehydrogenase	4,424	7,378	
	AT3G53990.1	F5K20	18521,833	34397,944	
19	AT3G04720.1	Hevein-like (HEL - PR4)	1,754	3,164	3,193
	AT3G53230.1	Cell division control protein 48	0,6509	0,3888	

5.5. Novo perfil de proteínas de defesa, em raízes, resultante da interação entre flg22 e ABA

A análise comparativa dos perfis proteômicos evidenciou um novo perfil de proteínas de defesa, resultante da interação entre flg22 e ABA. Estas proteínas são, principalmente, de resposta a microrganismos, e foram diferencialmente acumuladas pelos tratamentos flg22 e ABA isolados e no tratamento ABA+flg22 (Tabela 5). As 36 proteínas resultantes após o tratamento concomitante se dividem em proteínas intensificadas e proteínas não afetadas. Entre elas, 26 proteínas são de resposta a microrganismos.

As proteínas de resposta à flg22 intensificadas por ABA são: PRX33, AT3G49110.1; PRX34, AT3G49120.1; DOX1, AT3G01420.1; CHI-B PR3, AT3G12500.1; CHI-C PR11, AT4G19810.1. As demais 11 proteínas são de resposta à flg22 e que não tiveram sua resposta afetada por ABA, se dividem em proteínas de resposta a estresse oxidativo (MDS1, AT3G10920.2; GPX6, AT4G11600.1; PRX71, AT5G64120.1; PRX45, AT4G30170.1; PRX73, AT5G67400.1) e defesa contra microrganismos (induzidas: HEL PR4, AT3G04720.1; KTI4, AT1G73260.1; reprimidas: GRP7, AT2G21660.1; XYL1, AT1G68560.1; AT3G13790.2; AT4G16260.1).

O tratamento com ABA também induziu algumas proteínas relacionadas a defesa contra microrganismos. Dentre estas, 6 proteínas mantiveram sua regulação mesmo na presença de flg22, sendo 5 não afetadas e 1 intensificada pelo tratamento com flg22. A proteína HEL - PR4 (AT3G04720.1), uma proteína de ligação de quitina e relacionada à patogênese, teve sua resposta ao ABA intensificada pelo tratamento com flg22. As proteínas não afetadas são: GPX6 (AT4G11600.1), RD21 (AT1G47128.1), GLS-OH (AT2G25450.1), GSTF9 (AT2G30860.1), AT4G23670.1.

1 TABELA 5 : Perfil proteômico resultante do tratamento concomitante ABA+flg22

Acesso	Proteína	Função molecular	Descrição funcional na defesa		Fold Change
			flg22	ABA+flg22	ABA
Proteínas Induzidas por flg22					
AT3G49110.1	Peroxidase 33 (PRX33)	Peroxidase	Defesa contra microrganismo	4701,668	7434,913
AT3G49120.1	Peroxidase 34 (PRX34)	Peroxidase	Defesa contra microrganismo	1,575	2,576 1,763
AT5G64120.1	Peroxidase 71 (PRX71)	Peroxidase	Defesa contra fungos	5,416	4,157 -0,480
AT3G01420.1	Alpha-Dioxygenase 1 (DOX1)	Oxidoredutase	Defesa contra fungos	1,921	3,589 2,851
AT3G10920.2	Manganese superoxide dismutase 1 (MSD1)	Superoxido dismutase	Defesa contra bactéria	1,719	2,096
AT4G11600.1	Glutathione peroxidase 6 (GPX6)	Glutatona peroxidase	Peroxidase	2,215	2,007 1,823
AT4G19810.1	Class V chitinase (CHI-C - PR11)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	1,582	21,294 10,799
AT3G12500.1	Basic endochitinase B (CHI-B - PR3)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	2,303	6,005 4,031
AT3G04720.1	Hevein-like (HEL - PR4)	Quitinase	Proteína relacionada à patogênese	3,193	3,164 1,754
AT1G73260.1	Kunitz trypsin inhibitor 1 (KTI1)	Inibidor de serina proteinase	Antagonista da morte celular desencadeada por fitopatógenos	1,500	2,150
AT4G16260.1	Putative beta-1,3-endoglucanase	Endoglucosidase	Defesa contra fungos e nematóides	2,946	2,324
Proteínas reprimidas por flg22					
AT4G30170.1	Peroxidase 45 (PRX45)	Peroxidase	Peroxidase	-0,608	-0,546
AT5G67400.1	Peroxidase 73 (PER73)	Peroxidase	Peroxidase	-0,482	-0,637
AT2G21660.1	Glycine-rich RNA-binding protein 7 (GRP7)	Ligação de RNA	Resposta imune inata	-0,665	-0,461 -0,629
AT3G13790.1	Cell wall invertase 1 (CWI1)	Degradação da sacarose	Defesa contra fungos	-0,567	-0,569 -0,495
AT1G68560.1	Alpha-xylosidase 1 (XYL1)	Clivagem e ligação de xiloglucanos	Manutenção da parede celular	-0,366	-0,636
Proteínas Induzidas por ABA					
AT4G11600.1	Glutathione peroxidase 6 (GPX6)	Glutatona peroxidase	Peroxidase	2,215	2,007 1,823
AT3G04720.1	Hevein-like (HEL - PR4)	Ligação de quitina	Proteína relacionada à patogênese	3,193	3,164 1,754
AT4G23670.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport	Ligação de íon cobre	Sem função de defesa conhecida	1,583	1,797
AT1G47128.1	Responsive to dehydration 21 (RD21)	Peptidase	Defesa contra fungos	1,915	1,781
AT2G25450.1	Glucosinolate hydroxylase (GSL-OH)	Carboxilato oxidase	Biossíntese de glucosinolato	3,908	3,485
AT2G30860.1	Glutathione S-transferase F9	Ligação da glutatona	Peroxidase	2,548	1,548

Outras proteínas reguladas por flg22 não afetadas por ABA

AT2G40010.1	Ribosomal protein L10	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,784		
AT3G11940.1	40S ribosomal protein S5 (RPS5)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	1,155E-05		
AT2G31610.1	40S ribosomal protein S3-1 (RPS3A)	Síntese de proteína	Sem função de defesa conhecida	6,200E-01		
AT5G20980.1	Methionine synthase	Biossíntese de metionina	Sem função de defesa conhecida	1,948	1,683	
AT3G46520.1	Actin 12	Constituinte estrutural	Sem função de defesa conhecida	2,091	1,785	2,026
AT5G12250.1	Tubulin beta-6 chain (TUB6)	Constituinte estrutural	Sem função de defesa conhecida	0,489		
AT3G07320.1	Glycosyl hydrolases family 17	Glicosidase	Sem função de defesa conhecida	-0,563	-0,441	
AT4G12420.1	Monocopper oxidase-like (SKU5)	Oxidoredutase	Sem função de defesa conhecida	-0,647	-0,634	
AT3G27740.2	Carbamoyl phosphate synthetase A (CARA)	Hidrólise da glutamina	Sem função de defesa conhecida	-0,607	-0,461	-0,551
AT3G08030.1	ATHA2-1	Função desconhecida	Sem função de defesa conhecida	-0,638	-0,567	-0,561
AT2G25980.1	Jacalin-related lectin 20 (JAL20)	Ligaçao de carboidratos	Sem função de defesa conhecida	-0,631	-0,511	-0,576
AT3G13460.1	Evolutionarily conserved C-terminal region 2 (ECT2)	Ligaçao de mRNA	Sem função de defesa conhecida	-0,552	-0,509	-0,607
AT5G39320.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase	Ligaçao de NAD	Sem função de defesa conhecida	-0,577	-0,534	-0,638
AT5G52920.1	Plastidial Pyruvate kinase (PKP)	Piruvato quinase	Sem função de defesa conhecida	-0,640	-0,452	-0,660

1

6- DISCUSSÃO

Plantas são organismos sésseis que não possuem um sistema imune adaptativo como o dos animais. Portanto, dependem da imunidade inata, desencadeada em cada célula ou tecido do corpo vegetal (Ausubel, 2005; Jones e Dangl, 2006). O reconhecimento da invasão por microrganismo é feito por PRRs, presentes na membrana das células vegetais, que reconhecem MAMPs/PAMPs e iniciam a sinalização para defesa (Dangl *et al.*, 2013; Schwessinger e Ronald, 2012; Zipfel, 2014). Entre os MAMPs estudados, a flagelina possui melhor caracterização, sendo reconhecida por receptores na membrana da célula vegetal, que dá início a resposta de defesa contra bactérias. Uma sequência da flagelina bacteriana, contendo 22 aminoácidos conservados (flg22), reconhecido pelo PRR FLS2, é suficiente para desencadear uma série de respostas de defesa, quando em contato com plantas (Chinchilla *et al.*, 2007; Gómez-Gómez e Boller, 2000; Zipfel *et al.*, 2004).

Apesar da grande disponibilidade de conhecimento sobre os mecanismos que baseiam a imunidade vegetal, tais dados foram obtidos majoritariamente em estudos de tecido foliar (Rosli *et al.*, 2013). Entretanto, a raiz é o órgão vegetal mais exposto a microrganismos. Os microrganismos podem penetrar nas raízes vegetais por aberturas na junção entre raiz principal e lateral, ferimentos, e zonas de alongamento da raiz. Tais locais contêm tecidos jovens e sem a parede celular secundária, considerada a primeira linha de defesa da planta. A capacidade da planta em distinguir os microrganismos que colonizam a região da rizosfera entre benéficos, inertes, e patogênicos é de suma importância para evitar a constante ativação da PTI e dispêndio dessa energia (Chuberre *et al.*, 2018). Por este motivo, acredita-se que a raiz tenha desenvolvido mecanismos de resposta rápida e sincronizada para se proteger de patógenos (Chuberre *et al.*, 2018; Millet *et al.*, 2010; Singh *et al.*, 2004; Wyrsch *et al.*, 2015).

Nossas análises do perfil proteômico de raízes de *A. thaliana* tratadas com flg22 mostraram uma intensa regulação de proteínas relacionadas a maquinaria de síntese proteica. Adicionalmente, proteínas envolvidas na biogênese de ribossomo, remodelamento e conformação da cromatina, também foram aumentadas pelo tratamento com flg22. Estes dados sugerem que a planta tenha uma alta necessidade de síntese de proteínas como resposta à microrganismos.

Conforme esperado, um grupo expressivo de proteínas de defesa contra patógenos foi regulado por flg22. A indução de proteínas do sistema de defesa vegetal é uma característica da resposta ao MAMP flagelina (Yi *et al.*, 2014). Entre as proteínas induzidas, observamos proteínas envolvidas na proteção contra o estresse oxidativo que se dividem em peroxidases

(10), superóxido dismutase (1), dioxigenase (1) e proteínas do metabolismo da glutatona (GSTs) (4). A produção de ROS é um sinal clássico de resposta de defesa contra estresse abiótico e biótico, e pode atuar como um mensageiro rápido para desencadear respostas imunes (Camejo *et al.*, 2016; Kawano, 2003; Miller *et al.*, 2009; Nathan e Cunningham-Bussel, 2013; Smirnoff e Arnaud, 2019).

As proteínas Leucine-rich repeat (LRR) e Hypersensitive Induced reaction 2 (HIR2) apresentaram indução pelo tratamento com flg22, e se destacam entre as demais proteínas de defesa, por serem proteínas de associação aos receptores de reconhecimento de PAMPs, FLS2 e RPS, respectivamente (Gómez-Gómez e Boller, 2000; Qi *et al.*, 2011). A proteína Glycine-rich RNA-binding Protein 7 (GRP7) reprimida pelo tratamento com flg22, mostrou-se necessária para a defesa vegetal contra vírus e bactérias quando ausente em plantas mutantes de *A. thaliana* (Lee *et al.*, 2012). Entretanto, seu papel exato durante a defesa da planta ainda permanece por ser elucidado (Fu *et al.*, 2007; Woloshen, Huang e Li, 2011).

O ácido abscísico (ABA) desempenha funções importantes para o desenvolvimento da planta. Sua síntese pode ocorrer em sementes, raízes, brotos e células guarda, e por estímulos de estresse (Miret, Munné-Bosch e Dijkwel, 2018). Baixas temperaturas, déficit hídrico, estresse salino e osmótico são estímulos de estresse abióticos que dão início da síntese de ABA nas raízes. O acúmulo de ABA no corpo da planta promove mudanças na expressão gênica e acarretam redução no crescimento de raízes e fechamento de estômatos, que reduz a transpiração e perda de água, mantendo a homeostase na planta (Hong, Seah e Xu, 2013; Mittler e Blumwald, 2015). O ABA está intimamente relacionado a arquitetura das raízes quando a planta é exposta a um estresse hídrico/salino, podendo ocasionar crescimento ou quiescência de regiões específicas (Harris, 2015; Zhang *et al.*, 2010). Além disso, o acúmulo de ABA mediante estresse, leva a uma rápida geração de ROS nas células, que é uma resposta a estresse abióticos, mas também uma característica de defesa a microrganismos. O entendimento das respostas de tolerância ao estresse abiótico e resistência a doenças, são áreas distintas na pesquisa, entretanto, tem-se observado uma sobreposição significativa dessas sinalizações (Mauch-Mani e Mauch, 2005).

Caracterizado como hormônio do estresse abiótico, o ABA possui atividade antagônica às respostas de defesa mediadas por AS, enquanto possui sinergismo com a via AJ em resposta a ferimentos e insetos herbívoros (Papadopoulou *et al.*, 2018; Zabala *et al.*, 2009). Muitos trabalhos mostram que a deficiência de ABA leva a resistência a patógenos fúngicos e bacterianos (Anderson *et al.*, 2004; Asselbergh *et al.*, 2008; Audenaert *et al.*, 2002; Mohr e

Cahill, 2003) e que a aplicação de ABA exógeno causa suscetibilidade à doenças (Koga *et al.*, 2004; Mohr e Cahill, 2001; Torres-Zabala, De *et al.*, 2007) e supressão da SAR (Bari e Jones, 2009; Jiang *et al.*, 2010; Yasuda *et al.*, 2008). Por outro lado, a aplicação de ABA em folhas de *A. thaliana* mostrou que o hormônio é responsável pela defesa estomática, parte de uma resposta imune inata da planta para restringir a invasão bacteriana (Melotto *et al.*, 2006). Perante o reconhecimento de flg22 e *P. syringae*, vias relacionadas ao ABA levam ao fechamento dos estômatos para impedir a infecção (Melotto *et al.*, 2006). Estes resultados são encontrados em folhas, onde a resposta de ABA é bem caracterizada, entretanto, ainda não se conhece as respostas de defesa desencadeadas por ABA nas raízes. Diversas espécies de microrganismos que colonizam plantas são capazes de produzir ABA (Cohen, Bottini e Piccoli, 2008; Forchetti *et al.*, 2007; Jiang *et al.*, 2010; Siewers *et al.*, 2006; Spence *et al.*, 2015; Zabala *et al.*, 2009). Portanto, a produção de tal hormônio, e a consequente supressão da defesa vegetal, pode representar uma estratégia de ataque em patógenos (Goel *et al.*, 2008; Zabala *et al.*, 2009).

Nossas análises proteômicas em raízes de plântulas tratadas com ABA mostraram que, entre as proteínas reguladas, 7 proteínas induzidas são características da resposta ao ABA, sendo que RD29A e RD29B (Yamaguchi-Shinozaki e Shinozaki, 1993), LEA7 (Galau *et al.*, 1986), RD17/COR47 (Gilmour, Artus e Thomashow, 1992), atuam interligadas na resposta de tolerância a estresse abiótico, principalmente a desidratação e frio. Além destas, CHI-C PR11 (Ohnuma *et al.*, 2011) é induzida por ABA, estresse abiótico e biótico, enquanto MFT (Xi *et al.*, 2010) é envolvida na regulação da germinação, e ALDH7B4 (Kirch *et al.*, 2004) responde desidratação, estresse salino, e ao ABA por mecanismos ainda não esclarecidos. Três proteínas da via de biossíntese de glucosinolatos (IIL1, IMD1, IPMI1) foram reprimidas pelo tratamento com ABA. Miret *et al.* (2018) mostrou que o acúmulo de ABA, em folhas de repolho verde, reprime as vias de síntese de glucosinolatos (Miret, Munné-Bosch e Dijkwel, 2018). Os glucosinolatos são compostos exsudados por plantas da família Brassicaceae e por *A. thaliana*, que se convertem em (iso) tiocianatos que são tóxicos para diversos microrganismos patogênicos e insetos herbívoros (Morrissey e Osbourn, 1999). Desta forma, os dados sugerem que o ABA é capaz de suprimir a produção de glucosinolatos em raízes, afetando a defesa vegetal.

As demais proteínas reguladas por ABA estão envolvidas em diversas respostas a estresses abióticos, tais como: estresse por metais, salinidade, desidratação, temperatura e estresse oxidativo. O tratamento com ABA reprimiu 8 proteínas de resposta ao estresse oxidativo e induziu 4 proteínas desta mesma classe. O acúmulo de ABA nas células, da mesma

forma que o acúmulo de ROS, induz genes de resposta a estresse abiótico (Miller *et al.*, 2009; Mittler e Blumwald, 2015; Wang e Song, 2008). Similarmente, a aplicação de ABA exógeno em plantas de *A. thaliana* leva a rápida produção de peróxidos de hidrogênio (Pel *et al.*, 2000). Além disso, a repressão de proteínas do estresse oxidativo podem estar associadas a ação do ABA no desenvolvimento das raízes (Harris, 2015). Em raízes de milho e *Medicago truncatula* o ABA estimula o alongamento de raízes reduzindo o acúmulo de ROS (Harris, 2015; Sharp *et al.*, 2004; Zhang, Bousquet e Harris, 2014). É possível que, apesar da alta produção de ROS para sinalizar um estresse abiótico, a prevenção ao dano oxidativo e manutenção do desenvolvimento das raízes, possa explicar a manutenção da indução de resposta a estresse oxidativo, mesmo tendo reprimido outras vias (Mittler e Blumwald, 2015; Wang e Song, 2008).

Para avaliar o efeito de ABA sobre a resposta de defesa em raízes de *A. thaliana*, o perfil proteômico de plantas tratadas com flg22 foi comparado ao de plantas do tratamento combinado de ABA + flg22. O contraste mostrou que a resposta de flg22 é drasticamente antagonizada por ABA, em que 80% das proteínas reguladas por flg22 deixaram de apresentar acúmulo diferencial, foram atenuadas ou intensificadas por ABA (FIGURA 6B 1-3).

Um total de 27 proteínas conhecidas por seu envolvimento na defesa contra microrganismos foram induzidas por flg22. Dentre estas, 17 proteínas foram antagonizadas por ABA. Observamos também a intensificação da resposta de algumas proteínas (FIGURA 6B 3) e a não interferência de ABA sobre várias proteínas de resposta a flg22. Várias das proteínas de resposta a flg22 que não foram afetadas por ABA, são proteínas conhecidamente envolvidas na resposta de defesa contra microrganismos.

A ativação da resposta a flg22 em *A. thaliana* depende da via do ácido salicílico. Tais vias, por sua vez, são afetadas por ABA (Audenaert, Meyer, De e Höfte, 2002; Zabala *et al.*, 2009). Folhas de plantas de tomate com níveis reduzidos de ABA apresentaram resistência ao fungo *Botrytis cinerea*, que é mediada pela via de AS (Audenaert, Meyer, De e Höfte, 2002; Mauch-Mani e Mauch, 2005), enquanto *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* strain DC3000 utiliza efetores para indução de ABA e repressão de AS (Zabala *et al.*, 2009). O tratamento de raízes de alfafa com ABA indicou também a atuação do hormônio exógeno como regulador negativo na defesa contra patógenos necrotróficos e biotróficos (Luo *et al.*, 2019). Nossos dados mostram um forte antagonismo de ABA sobre as respostas de defesa vegetal desencadeadas por flg22 em raízes. Entretanto, algumas proteínas características da resposta de SAR (resistência sistêmica adquirida) foram intensificadas ou não afetadas pelo tratamento com ABA. Os trabalhos que desvendam as bases da imunidade vegetal foram realizados majoritariamente em

folhas. No presente trabalho, foram avaliadas as respostas de defesa em raízes, possibilitando a identificação de respostas distintas, mas condizentes com alguns trabalhos. Uma melhor caracterização destes mecanismos pode fornecer importantes conhecimentos, visto que a raiz é um órgão de intensa interação com microrganismos (Beck *et al.*, 2014; Berendsen *et al.*, 2012; Millet *et al.*, 2010; Wyrtsch *et al.*, 2015).

A proteômica da resposta a ABA também foi contrastada com a de plantas tratadas com ABA+flg22 visando avaliar o efeito de flg22 sobre as respostas ativadas por ABA nas raízes de *A. thaliana*. Embora em menor intensidade, flg22 foi capaz de afetar a regulação de 42% das proteínas reguladas por ABA nas raízes das plantas (FIGURA 7B 1-3). Entretanto, apesar do antagonismo observado, diversas proteínas de resposta a ABA, incluindo algumas proteínas envolvidas na resposta a microrganismos, tiveram sua regulação independente de flg22, ou mesmo intensificada por ela (FIGURA 7B 3).

Nossos dados revelaram que, como descrito em folhas, o antagonismo de ABA sobre respostas de defesa também acontece em raiz (Anderson *et al.*, 2004; Audenaert, *et al.*, 2002; Mauch-Mani e Mauch, 2005; Yasuda *et al.*, 2008). Entretanto, mostramos que o ABA exógeno não é capaz de antagonizar toda a defesa desencadeada por flg22 em raízes de *A. thaliana*. Adicionalmente, a percepção do ABA exógeno, intensificou algumas destas respostas de defesa, e ativou o acúmulo de novas proteínas de defesa contra microrganismos.

Determinados microrganismos endofíticos e patogênicos produzem ABA, além de outros efetores capazes de manipular a defesa vegetal (Cohen, Bottini e Piccoli, 2008; Forchetti *et al.*, 2007; Goel *et al.*, 2008; Jiang *et al.*, 2010; Siewers *et al.*, 2006; Spence *et al.*, 2015; Zabala *et al.*, 2009). Por este motivo, a produção de novas proteínas de defesa pela planta ao perceber o ABA exógeno pode ser uma estratégia evolutiva para se proteger de microrganismos capazes de produzir ABA.

No esquema apresentado na FIGURA 8, observamos que as raízes respondem ao ABA antagonizando grande parte da resposta de flg22 (FIGURA 8A). Entretanto, algumas proteínas reguladas por flg22 não sofrem o antagonismo resultante do tratamento com ABA (FIGURA 8B). Estas proteínas são, em sua maioria, características da resposta de defesa a microrganismos. Além disso, observamos que a resposta desencadeada por ABA também inclui proteínas de defesa contra microrganismos. Esta defesa desencadeada por ABA pode não ser suficiente para conter a invasão da raiz pelo microrganismo, mas pode se somar aos demais mecanismos de defesa desencadeados por outros MAMPs/PAMPs. Desta forma, observamos um novo conjunto de proteínas de resposta de defesa desenvolvido pela planta, através dos

estímulos com ABA e flg22 (FIGURA BC). Com base no exposto, acreditamos que a manutenção de proteínas de defesa após o tratamento concomitante ABA+flg22 seja uma estratégia de defesa da planta e que este seja um novo perfil proteômico que a planta utiliza para se defender de uma ameaça patogênica (FIGURA 8).

Os resultados obtidos neste trabalho sugerem que a planta mantém um perfil de proteínas de defesa contra microrganismos, mesmo na presença de ABA. Tal novo perfil resulta da repressão, intensificação e manutenção de proteínas de defesa, desencadeadas por ambos eliciadores. Nossos dados indicam que, a despeito do forte antagonismo observado, parte da resposta é independente entre ABA e flg22, e ainda um relativo sinergismo pode ser observado em respostas específicas.

Proteínas de defesa induzidas por flg22-ABA

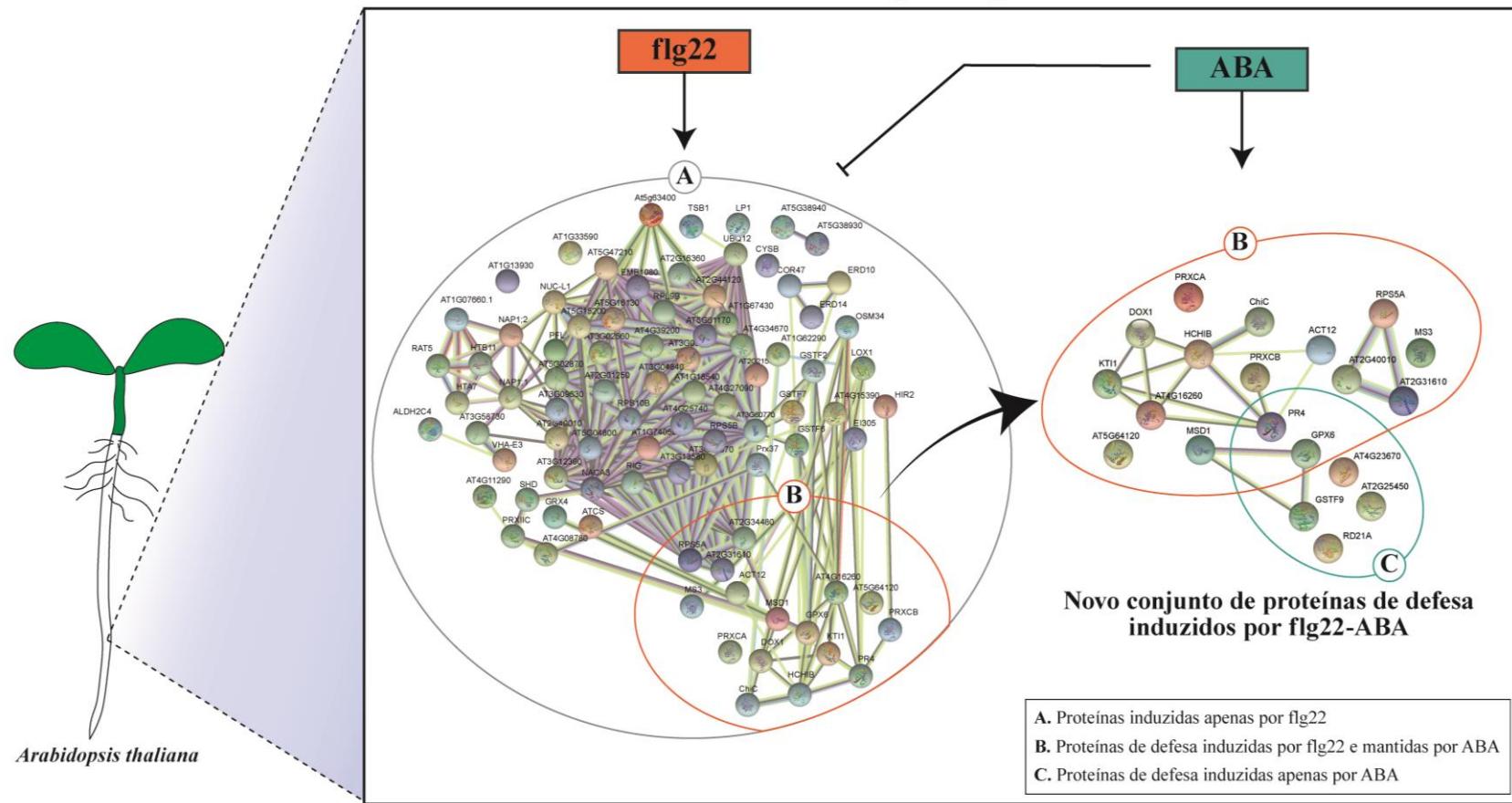


FIGURA 8: Modelo proposto da combinação dos perfis proteômicos de plântulas de *A. thaliana* tratadas com flg22, ABA e ABA+flg22. O tratamento ABA+flg22 evidenciou a formação de um novo perfil proteômico de proteínas de resposta de defesa contra microrganismos patogênicos. O conjunto AB consiste das proteínas aumentadas por flg22, em que o subconjunto A consiste das proteínas antagonizadas por ABA e o subconjunto B das proteínas reguladas por flg22, que foram mantidas após o tratamento simultâneo ABA+flg22. O conjunto C corresponde as proteínas de defesa reguladas no tratamento isolado com ABA. A junção dos conjuntos B e C corresponde ao novo conjunto de proteínas formados pelo tratamento ABA+flg22 que a planta utiliza para se defender de patógenos. A rede de interação entre as proteínas foi determinada pelo software STRING (versão 11.0).

7- CONCLUSÕES

- Em raízes de *A. thaliana*, o tratamento com flg22 resultou na regulação de 120 proteínas. A flg22 desencadeou alta regulação de proteínas de defesa contra microrganismos e maquinaria de síntese de proteínas. Além destas, foram reguladas também proteínas de proteção ao estresse oxidativo, estresse abiótico, remodelamento e conformação da cromatina;
- O tratamento com ABA ocasionou a regulação de 112 proteínas nas raízes de *A. thaliana* que se dividem em proteínas de resposta ao ABA, estresse abiótico, estresse oxidativo e defesa contra microrganismos;
- O ABA se mostrou um forte antagonista da resposta desencadeada por flg22 nas raízes de *A. thaliana*, em que 89 proteínas da resposta desencadeada por flg22 tiveram sua regulação desligada ou atenuada na presença de ABA. Apesar de tal antagonismo, a regulação de 11 proteínas características da defesa contra microrganismos não foi afetada, enquanto 5 proteínas tiveram sua regulação por flg22 intensificada pelo tratamento simultâneo ABA+flg22;
- A flg22 também se mostrou um antagonista da resposta de ABA, porém com menor intensidade. Flg22 afetou 42% da resposta de ABA, exercendo antagonismo sobre 41 proteínas. Apesar do antagonismo, diversas proteínas de resposta a ABA não foram afetadas por flg22, incluindo 6 proteínas de defesa contra microrganismos;
- Mesmo com o antagonismo de ABA sobre as respostas desencadeadas por flg22, um novo conjunto de proteínas reguladas se formou em consequência do tratamento simultâneo ABA+flg22. Neste conjunto, 20 proteínas são características da resposta de defesa contra microrganismos.
- Nossos resultados permitem especular que a manutenção de proteínas de defesa, mesmo mediante o efeito antagônico desempenhado por ABA, seja uma estratégia de defesa da planta frente a potencial ameaças de patógenos produtores de ABA.

8- PERSPECTIVAS FUTURAS

Este trabalho abre perspectivas para novas descobertas sobre mecanismos regulados por ABA na resposta de defesa contra microrganismos em raízes de plantas. Investigar o papel das proteínas de defesa mantidas, ou induzidas, na presença de ABA poderão auxiliar no entendimento da defesa vegetal ativada contra microrganismos produtores de ABA. Para tal, as seguintes abordagens podem ser utilizadas:

- Investigar o papel deste novo perfil de proteínas através de mutantes defectivos para essas proteínas;
- Avaliar os efeitos destas proteínas na colonização com bactérias benéficas e patogênicas;
- Avaliar como estas proteínas podem influenciar a colonização por bactérias que produzem ABA;
- Como o tratamento prévio com ABA pode alterar a colonização de bactérias benéficas e patogênicas;
- Avaliar a colonização de mutante defectivos em ABA por bactérias que produzem ABA.

9- REFERÊNCIAS

- ABRAMOVITCH, R. B.; ANDERSON, J. C.; MARTIN, G. B. Bacterial elicitation and evasion of plant innate immunity. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, 2006.
- AFROZ, A. *et al.* Plant-bacterium interactions analyzed by proteomics. **Frontiers in Plant Science**, 2013.
- AHUJA, I.; KISSEN, R.; BONES, A. M. Phytoalexins in defense against pathogens. **Trends in Plant Science**, 2012.
- ANDERSON, J. P. *et al.* Antagonistic interaction between abscisic acid and jasmonate-ethylene signaling pathways modulates defense gene expression and disease resistance in arabidopsis. **Plant Cell**, 2004.
- ASAI, T. *et al.* Map kinase signalling cascade in Arabidopsis innate immunity. **Nature**, 2002.
- ASSELBERGH, B. *et al.* Abscisic acid deficiency leads to rapid activation of tomato defence responses upon infection with *Erwinia chrysanthemi*. **Molecular Plant Pathology**, 2008.
- AUDENAERT, K.; MEYER, G. B. DE; HÖFTE, M. M. Abscisic acid determines basal susceptibility of tomato to *Botrytis cinerea* and suppresses salicylic acid-dependent signaling mechanisms. **Plant Physiology**, 2002.
- AUSUBEL, F. M. Are innate immune signaling pathways in plants and animals conserved? **Nature Immunology**, 2005.
- BALDANI, J. I. *et al.* Recent advances in BNF with non-legume plants. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 29, n. 5–6, p. 911–922, 1997.
- BARI, R.; JONES, J. D. G. Role of plant hormones in plant defence responses. **Plant Molecular Biology**, 2009.
- BASHAN, Y. Bacteria / Plant growth-promotion. **Encyclopedia of soils in the environment**. vol. 1., pp. 103-115. 2200 p., 2005
- BAUER, Z. *et al.* Sensitivity of Different Ecotypes and Mutants of *Arabidopsis thaliana* toward the Bacterial Elicitor Flagellin Correlates with the Presence of Receptor-binding

Sites. **Journal of Biological Chemistry**, 2001.

BECK, M. *et al.* Expression patterns of FLAGELLIN SENSING 2 map to bacterial entry sites in plant shoots and roots. **Journal of Experimental Botany**, 2014.

BECKERS, G. J. M.; SPOEL, S. H. Fine-tuning plant defence signalling: Salicylate versus jasmonate. **Plant Biology**, 2006.

BEDNAREK, P. Chemical warfare or modulators of defence responses - the function of secondary metabolites in plant immunity. **Current Opinion in Plant Biology**, 2012.

BERENDSEN, R. L.; PIETERSE, C. M. J.; BAKKER, P. A. H. M. The rhizosphere microbiome and plant health. **Trends in Plant Science**, 2012.

BIEZEN, E. A. VAN DER; JONES, J. D. G. Plant disease-resistance proteins and the gene-for-gene concept. **Trends in Biochemical Sciences**, v. 23, n. 12, p. 454–456, 1998.

BOLLER, T.; FELIX, G. A renaissance of elicitors: Perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. **Annual Review of Plant Biology**, 2009.

BOSTOCK, R. M. Signal crosstalk and induced resistance: Straddling the line between cost and benefit. **Annual Review of Phytopathology**, 2005.

BROOKS, D. M.; BENDER, C. L.; KUNKEL, B. N. The *Pseudomonas syringae* phytotoxin coronatine promotes virulence by overcoming salicylic acid-dependent defences in *Arabidopsis thaliana*. **Molecular Plant Pathology**, 2005.

CAMEJO, D.; GUZMÁN-CEDEÑO, Á.; MORENO, A. Reactive oxygen species, essential molecules, during plant-pathogen interactions. **Plant Physiology and Biochemistry**, 2016.

CAMPOS, A. *et al.* Identification of bacterial protein markers and enolase as a plant response protein in the infection of *Olea europaea* subsp. *europaea* by *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. **European Journal of Plant Pathology**, 2009.

CANET, J. V. *et al.* Resistance and biomass in *Arabidopsis*: A new model for Salicylic Acid perception. **Plant Biotechnology Journal**, v. 8, n. 2, p. 126–141, 2010.

CAO, F. Y.; YOSHIOKA, K.; DESVEAUX, D. The roles of ABA in plant-pathogen

interactions. **Journal of Plant Research**, v. 124, n. 4, p. 489–499, 2011.

CHEN, K. *et al.* Abscisic acid dynamics, signaling, and functions in plants. **Journal of Integrative Plant Biology**, 2020.

CHEN, X.; BHADAURIA, V.; MA, B. Current Status of Proteomic Studies on Defense Responses in Rice. **Current issues in molecular biology**, 2016.

CHEN, Z. *et al.* Pseudomonas syringae type III effector AvrRpt2 alters Arabidopsis thaliana auxin physiology. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 104, n. 50, p. 20131–20136, 2007.

CHET, I.; ZILBERSTEIN, Y.; HENIS, Y. Chemotaxis of Pseudomonas lachrymans to plant extracts and to water droplets collected from the leaf surfaces of resistant and susceptible plants. **Physiological Plant Pathology**, 1973.

CHINCHILLA, D. *et al.* The Arabidopsis receptor kinase FLS2 binds flg22 and determines the specificity of flagellin perception. **Plant Cell**, 2006.

CHINCHILLA, D. *et al.* A flagellin-induced complex of the receptor FLS2 and BAK1 initiates plant defence. **Nature**, v. 448, n. 7152, p. 497–500, 2007.

CHOI, J. *et al.* The cytokinin-activated transcription factor ARR2 promotes plant immunity via TGA3/NPR1-dependent salicylic acid signaling in arabidopsis. **Developmental Cell**, 2010.

CHUBERRE, C. *et al.* Plant immunity is compartmentalized and specialized in roots. **Frontiers in Plant Science**, 2018.

COHEN, A. C.; BOTTINI, R.; PICCOLI, P. N. Azospirillum brasiliense Sp 245 produces ABA in chemically-defined culture medium and increases ABA content in arabidopsis plants. **Plant Growth Regul** p. 97–103, 2008.

COPPING, L. Systemic acquired resistance. **HortScience**, vol. 30(5), 1998

DANGL, J. L.; HORVATH, D. M.; STASKAWICZ, B. J. Pivoting the plant immune system from dissection to deployment. **Science**, 2013.

DURRANT, W. E.; DONG, X. Systemic Acquired Resistance. **Annual Review of Phytopathology**, v. 42, n. 1, p. 185–209, 2004.

ENT, S. VAN DER; WEES, S. C. M. VAN; PIETERSE, C. M. J. Jasmonate signaling in plant interactions with resistance-inducing beneficial microbes. **Phytochemistry**, 2009.

EULGEM, T.; SOMSSICH, I. E. Networks of WRKY transcription factors in defense signaling. **Current Opinion in Plant Biology**, 2007.

FELIX, G. *et al.* Plants have a sensitive perception system for the most conserved domain of bacterial flagellin. **Plant Journal**, 1999.

FENG, F.; ZHOU, J. M. Plant-bacterial pathogen interactions mediated by type III effectors. **Current Opinion in Plant Biology**, 2012.

FLIEGMANN, J.; FELIX, G. Immunity: Flagellin seen from all sides. **Nature Plants**, 2016.

FORCHETTI, G. *et al.* Endophytic bacteria in sunflower (*Helianthus annuus* L.): Isolation, characterization, and production of jasmonates and abscisic acid in culture medium. **Applied Microbiology and Biotechnology**, 2007.

FU, Z. Q. *et al.* A type III effector ADP-ribosylates RNA-binding proteins and quells plant immunity. **Nature**, 2007.

GALAU, G. A.; HUGHES, D. W.; DURE, L. Abscisic acid induction of cloned cotton late embryogenesis-abundant (Lea) mRNAs. **Plant Molecular Biology**, 1986.

GFELLER, A. *et al.* Jasmonate biochemical pathway. **Science Signaling**, v. 3, n. 109, p. 1–7, 2010.

GILMOUR, S. J.; ARTUS, N. N.; THOMASHOW, M. F. cDNA sequence analysis and expression of two cold-regulated genes of *Arabidopsis thaliana*. **Plant Molecular Biology**, 1992.

GLAZEBROOK, J. Contrasting Mechanisms of Defense Against Biotrophic and Necrotrophic Pathogens. **Annual Review of Phytopathology**, v. 43, n. 1, p. 205–227, 2005.

GOEL, A. K. *et al.* The *Pseudomonas syringae* type III effector HopAM1 enhances virulence on water-stressed plants. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, 2008.

GÖHRE, V.; ROBATZEK, S. Breaking the Barriers: Microbial Effector Molecules

Subvert Plant Immunity. **Annual Review of Phytopathology**, v. 46, n. 1, p. 189–215, 2008.

GÓMEZ-GÓMEZ, L.; BOLLER, T. FLS2: An LRR receptor-like kinase involved in the perception of the bacterial elicitor flagellin in *Arabidopsis*. **Molecular Cell**, 2000.

GÓMEZ-GÓMEZ, L.; FELIX, G.; BOLLER, T. A single locus determines sensitivity to bacterial flagellin in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Journal**, v. 18, n. 3, p. 277–284, 1999.

GRANT, M.; LAMB, C. Systemic immunity. **Current Opinion in Plant Biology**, 2006.

GREENBERG, J. T.; YAO, N. The role of regulation of programmed cell death in plant-pathogen interactions. **Cellular Microbiology**, 2004.

GUDESBLAT, G. E.; TORRES, P. S.; VOJNOV, A. A. *Xanthomonas campestris* overcomes *Arabidopsis* stomatal innate immunity through a DSF cell-to-cell signal-regulated virulence factor. **Plant Physiology**, 2009.

HAIKO, J.; WESTERLUND-WIKSTRÖM, B. The role of the bacterial flagellum in adhesion and virulence. **Biology**, 2013.

HARRIS, J. M. Abscisic acid: Hidden architect of root system structure. **Plants**, 2015.

HERINGER, A. S. *et al.* Label-free quantitative proteomics of embryogenic and non-embryogenic callus during sugarcane somatic embryogenesis. **PLoS ONE**, 2015.

HONG, J. H.; SEAH, S. W.; XU, J. The root of ABA action in environmental stress response. **Plant Cell Reports**, 2013.

HUOT, B. *et al.* Growth-defense tradeoffs in plants: A balancing act to optimize fitness. **Molecular Plant**, 2014.

JIANG, C. J. *et al.* Abscisic acid interacts antagonistically with salicylic acid signaling pathway in rice-magnaporthe grisea interaction. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, 2010.

JONES, A. M. E. *et al.* Specific changes in the *Arabidopsis* proteome in response to bacterial challenge: Differentiating basal and R-gene mediated resistance. **Phytochemistry**, 2004.

- JONES, J. D. G.; DANGL, J. L. The plant immune system. **Nature**, 2006.
- KANG, B. G. *et al.* Use of plant growth-promoting rhizobacteria to control stress responses of plant roots. **Plant Biotechnology Reports**, v. 4, n. 3, p. 179–183, 2010.
- KATSURAGI, Y. *et al.* CD2-1, the C-terminal region of flagellin, modulates the induction of immune responses in rice. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, 2015.
- KAWANO, T. Roles of the reactive oxygen species-generating peroxidase reactions in plant defense and growth induction. **Plant Cell Reports**, 2003.
- KAZAN, K.; LYONS, R. Intervention of phytohormone pathways by pathogen effectors. **Plant Cell**, v. 26, n. 6, p. 2285–2309, 2014.
- KAZAN, K.; MANNERS, J. M. Linking development to defense: auxin in plant-pathogen interactions. **Trends in Plant Science**, 2009.
- KIRCH, H. H. *et al.* The ALDH gene superfamily of Arabidopsis. **Trends in Plant Science**, 2004.
- KOGA, H.; DOHI, K.; MORI, M. Abscisic acid and low temperatures suppress the whole plant-specific resistance reaction of rice plants to the infection of Magnaporthe grisea. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, 2004.
- LEE, H. J. *et al.* Different roles of glycine-rich RNA-binding protein7 in plant defense against Pectobacterium carotovorum, Botrytis cinerea, and tobacco mosaic viruses. **Plant Physiology and Biochemistry**, 2012.
- LIEVENS, L. *et al.* Abscisic acid as pathogen effector and immune regulator. **Frontiers in Plant Science**, 2017.
- LIM, C. W. *et al.* Function of ABA in stomatal defense against biotic and drought stresses. **International Journal of Molecular Sciences**, 2015.
- LUNA, E. *et al.* Next-generation systemic acquired resistance. **Plant Physiology**, 2012.
- LUO, D. *et al.* Comparative transcriptomic and physiological analyses of *Medicago sativa* L. Indicates that multiple regulatory networks are activated during continuous ABA treatment. **International Journal of Molecular Sciences**, 2019.

MAUCH-MANI, B.; MAUCH, F. The role of abscisic acid in plant-pathogen interactions. **Current Opinion in Plant Biology**, 2005.

MELOTTO, M. *et al.* Plant Stomata Function in Innate Immunity against Bacterial Invasion. **Cell**, 2006.

MILLER, G. *et al.* The plant NADPH oxidase RBOHD mediates rapid systemic signaling in response to diverse stimuli. **Science Signaling**, 2009.

MILLET, Y. A. *et al.* Innate immune responses activated in Arabidopsis roots by microbe-associated molecular patterns. **Plant Cell**, v. 22, n. 3, p. 973–990, 2010.

MIRET, J. A.; MUNNÉ-BOSCH, S.; DIJKWEL, P. P. ABA signalling manipulation suppresses senescence of a leafy vegetable stored at room temperature. **Plant Biotechnology Journal**, 2018.

MISHINA, T. E.; ZEIER, J. Pathogen-associated molecular pattern recognition rather than development of tissue necrosis contributes to bacterial induction of systemic acquired resistance in Arabidopsis. **Plant Journal**, v. 50, n. 3, p. 500–513, 2007.

MITHÖFER, A. Suppression of plant defence in rhizobia-legume symbiosis. **Trends in Plant Science**, v. 7, n. 10, p. 440–444, 2002.

MITTLER, R.; BLUMWALD, E. The roles of ROS and ABA in systemic acquired acclimation. **Plant Cell**, 2015.

MOHR, P. G.; CAHILL, D. M. Relative roles of glyceollin, lignin and the hypersensitive response and the influence of ABA in compatible and incompatible interactions of soybeans with *Phytophthora sojae*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, 2001.

_____. Abscisic acid influences the susceptibility of *Arabidopsis thaliana* to *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* and *Peronospora parasitica*. **Functional Plant Biology**, 2003.

MONAGHAN, J.; ZIPFEL, C. Plant pattern recognition receptor complexes at the plasma membrane. **Current Opinion in Plant Biology**, 2012.

MORRISSEY, J. P.; OSBOURN, A. E. Fungal resistance to plant antibiotics as a mechanism of pathogenesis. **Microbiology and molecular biology reviews : MMBR**,

v. 63, n. 3, p. 708–24, 1999.

MUR, L. A. J. *et al.* The outcomes of concentration-specific interactions between salicylate and jasmonate signaling include synergy, antagonism, and oxidative stress leading to cell death. **Plant Physiology**, 2006.

MUTHAMILARASAN, M.; PRASAD, M. Plant innate immunity: An updated insight into defense mechanism. **Journal of Biosciences**, 2013.

NAKASHIMA, K. *et al.* Three arabidopsis SnRK2 protein kinases, SRK2D/SnRK2.2, SRK2E/SnRK2.6/OST1 and SRK2I/SnRK2.3, involved in ABA signaling are essential for the control of seed development and dormancy. **Plant and Cell Physiology**, 2009.

NAKASHITA, H. *et al.* Brassinosteroid functions in a broad range of disease resistance in tobacco and rice. **Plant Journal**, v. 33, n. 5, p. 887–898, 2003.

NATHAN, C.; CUNNINGHAM-BUSSEL, A. Beyond oxidative stress: An immunologist's guide to reactive oxygen species. **Nature Reviews Immunology**, 2013.

NAVARRO, L. *et al.* The transcriptional innate immune response to flg22. Interplay and overlap with Avr gene-dependent defense responses and bacterial pathogenesis. **Plant Physiology**, 2004.

_____. DELLA Control Plant Immune Responses by Modulating the Balance of Jasmonic Acid and Salicylic Acid Signaling. **Current Biology**, v. 18, n. 9, p. 650–655, 2008.

NICAISE, V.; ROUX, M.; ZIPFEL, C. Recent advances in PAMP-Triggered immunity against bacteria: Pattern recognition receptors watch over and raise the alarm. **Plant Physiology**, v. 150, n. 4, p. 1638–1647, 2009.

OHNUMA, T. *et al.* A class V chitinase from Arabidopsis thaliana: Gene responses, enzymatic properties, and crystallographic analysis. **Planta**, 2011.

OLIVARES, F. L. *et al.* Occurrence of the endophytic diazotrophs Herbaspirillum spp. in roots, stems, and leaves, predominantly of Gramineae. **Biology and Fertility of Soils**, v. 21, n. 3, p. 197–200, 1996.

PAPADOPOULOU, G. V. *et al.* Defence signalling marker gene responses to hormonal elicitation differ between roots and shoots. **AoB PLANTS**, 2018.

PEL, Z. M. *et al.* Calcium channels activated by hydrogen peroxide mediate abscisic acid signalling in guard cells. **Nature**, 2000.

PIETERSE, C. M. J. *et al.* Networking by small-molecule hormones in plant immunity. **Nature Chemical Biology**, v. 5, n. 5, p. 308–316, 2009.

PIETERSE, C. M. J. *et al.* Hormonal Modulation of Plant Immunity. **Annual Review of Cell and Developmental Biology**, v. 28, n. 1, p. 489–521, 2012.

PIETERSE, C. M. J. *et al.* Induced Systemic Resistance by Beneficial Microbes. **Annual Review of Phytopathology**, v. 52, n. 1, p. 347–375, 2014.

POZO, M. J. *et al.* Transcription factor MYC2 is involved in priming for enhanced defense during rhizobacteria-induced systemic resistance in *Arabidopsis thaliana*. **New Phytologist**, 2008.

QI, Y. *et al.* Physical association of *Arabidopsis* Hypersensitive Induced Reaction proteins (HIRs) with the immune receptor RPS2. **Journal of Biological Chemistry**, 2011.

QUIRINO, B. F. *et al.* **Proteomic approaches to study plant-pathogen interactions** *Phytochemistry*, 2010.

RANGEL, P. L. REGULAÇÃO TECIDO-ESPECÍFICA DA RESPOSTA DE DEFESA DESENCADEADA POR FLAGELINA EM *Arabidopsis thaliana*. [s.l.]. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2016.

RAYMUNDO, A. K. Chemotaxis of *Erwinia amylovora* . **Phytopathology**, 1980.

REIS, R. S. *et al.* Putrescine induces somatic embryo development and proteomic changes in embryogenic callus of sugarcane. **Journal of Proteomics**, v. 130, p. 170–179, 2016.

ROBERT-SEILANIANTZ, A. *et al.* The microRNA miR393 re-directs secondary metabolite biosynthesis away from camalexin and towards glucosinolates. **Plant Journal**, v. 67, n. 2, p. 218–231, 2011.

ROSLI, H. G. *et al.* Transcriptomics-based screen for genes induced by flagellin and repressed by pathogen effectors identifies a cell wall-associated kinase involved in plant immunity. **Genome Biology**, 2013.

ROSSEZ, Y. *et al.* Bacterial Flagella: Twist and Stick, or Dodge across the Kingdoms. **PLoS Pathogens**, 2015.

ROYCHOUDHURY, A.; PAUL, S.; BASU, S. Cross-talk between abscisic acid-dependent and abscisic acid-independent pathways during abiotic stress. **Plant Cell Reports**, 2013.

SANTNER, A.; ESTELLE, M. Recent advances and emerging trends in plant hormone signalling. **Nature**, 2009.

SCHWESSINGER, B.; RONALD, P. C. Plant innate immunity: Perception of conserved microbial signatures. **Annual Review of Plant Biology**, 2012.

SHAN, L.; HE, P.; SHEEN, J. Intercepting Host MAPK Signaling Cascades by Bacterial Type III Effectors. **Cell Host and Microbe**, 2007.

SHARP, R. E. *et al.* Root growth maintenance during water deficits: Physiology to functional genomics. **Journal of Experimental Botany. Anais...** 2004

SIEWERS, V. *et al.* Identification of an abscisic acid gene cluster in the grey mold *Botrytis cinerea*. **Applied and Environmental Microbiology**, 2006.

SINGH, B. K. *et al.* Unravelling rhizosphere-microbial interactions: Opportunities and limitations. **Trends in Microbiology**, v. 12, n. 8, p. 386–393, 2004.

SMIRNOFF, N.; ARNAUD, D. Hydrogen peroxide metabolism and functions in plants. **New Phytologist**, 2019.

SONG, T. *et al.* Shotgun label-free proteomic analysis of clubroot (Plasmodiophora brassicae) resistance conferred by the gene Rcr1 in *Brassica rapa*. **Frontiers in Plant Science**, 2016.

SPENCE, C. A. *et al.* Crucial roles of abscisic acid biogenesis in virulence of rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. **Frontiers in Plant Science**, 2015.

STEIN, E. *et al.* Systemic resistance in *Arabidopsis* conferred by the mycorrhizal fungus *Piriformospora indica* requires jasmonic acid signaling and the cytoplasmic function of NPR1. **Plant and Cell Physiology**, 2008.

STRINGLIS, I. A. *et al.* Root transcriptional dynamics induced by beneficial

rhizobacteria and microbial immune elicitors reveal signatures of adaptation to mutualists. **Plant Journal**, 2018.

SUN, T. P. The molecular mechanism and evolution of the GA-GID1-DELLA signaling module in plants. **Current Biology**, 2011.

TON, J.; FLORS, V.; MAUCH-MANI, B. The multifaceted role of ABA in disease resistance. **Trends in Plant Science**, v. 14, n. 6, p. 310–317, 2009.

TORRES-ZABALA, M. DE *et al.* *Pseudomonas syringae* pv. tomato hijacks the *Arabidopsis* abscisic acid signalling pathway to cause disease. **EMBO Journal**, 2007.

VERHAGE, A.; WEES, S. C. M. VAN; PIETERSE, C. M. J. Plant immunity: It's the hormones talking, but what do they say? **Plant Physiology**, v. 154, n. 2, p. 536–540, 2010.

VERMA, S. C.; LADHA, J. K.; TRIPATHI, A. K. Evaluation of plant growth promoting and colonization ability of endophytic diazotrophs from deep water rice. **Journal of Biotechnology**, v. 91, n. 2–3, p. 127–141, 2001.

VILLETH, G. R. *et al.* Comparative proteome analysis of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in the interaction with the susceptible and the resistant cultivars of *Brassica oleracea*. **FEMS Microbiology Letters**, 2009.

WALTERS, D.; HEIL, M. Costs and trade-offs associated with induced resistance. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, 2007.

WALTERS; MCROBERTS. Plants and biotrophs: a pivotal role for cytokinins? **Trends in Plant Science**, 2006.

WANG, P.; SONG, C. P. Guard-cell signalling for hydrogen peroxide and abscisic acid. **New Phytologist**, 2008.

WHITE, F. F.; YANG, B.; JOHNSON, L. B. Prospects for understanding avirulence gene function. **Current Opinion in Plant Biology**, 2000.

WOLOSHEN, V.; HUANG, S.; LI, X. RNA-Binding Proteins in Plant Immunity. **Journal of Pathogens**, 2011.

WYRSCH, I. *et al.* Tissue-specific FLAGELLIN-SENSING 2 (FLS2) expression in roots

- restores immune responses in *Arabidopsis fls2* mutants. **New Phytologist**, 2015.
- XI, W. *et al.* MOTHER OF FT and TFL1 regulates seed germination through a negative feedback loop modulating ABA signaling in *Arabidopsis*. **Plant Cell**, 2010.
- YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. *Arabidopsis* DNA encoding two desiccation-responsive rd29 genes. **Plant physiology**, 1993.
- YASUDA, M. *et al.* Antagonistic interaction between systemic acquired resistance and the abscisic acid-mediated abiotic stress response in *Arabidopsis*. **Plant Cell**, 2008.
- YI, S. Y. *et al.* The activated SA and JA signaling pathways have an influence on flg22-triggered oxidative burst and callose deposition. **PLoS ONE**, 2014.
- ZABALA, M. D. T. *et al.* Antagonism between salicylic and abscisic acid reflects early host-pathogen conflict and moulds plant defence responses. **Plant Journal**, v. 59, n. 3, p. 375–386, 2009.
- ZAMIoudis, C.; PIETERSE, C. M. J. Modulation of host immunity by beneficial microbes. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 25, n. 2, p. 139–150, 2012.
- ZHANG, C.; BOUSQUET, A.; HARRIS, J. M. Abscisic acid and lateral root organ defective/numerous infections and polyphenolics modulate root elongation via reactive oxygen species in *Medicago truncatula*. **Plant Physiology**, 2014.
- ZHANG, H. *et al.* ABA promotes quiescence of the quiescent centre and suppresses stem cell differentiation in the *Arabidopsis* primary root meristem. **Plant Journal**, 2010.
- ZHAO, Y. *et al.* Virulence systems of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* promote bacterial speck disease in tomato by targeting the jasmonate signaling pathway. **Plant Journal**, 2003.
- ZIPFEL, C. *et al.* Bacterial disease resistance in *Arabidopsis* through flagellin perception. **Nature**, v. 428, n. 6984, p. 764–767, 2004.
- ZIPFEL, C. Plant pattern-recognition receptors. **Trends Immunol.** 2014 Jul;35(7):345-51., 2014.
- ZIV, C. *et al.* Multifunctional roles of plant cuticle during plant-pathogen interactions. **Frontiers in Plant Science**, 2018.

ANEXO 1: Análise proteômica de plantas tratadas com flg22

accession	max score	reported peptides	Controle1	Controle2	Controle3	flg22_1	flg22_2	flg22_3	teste t	média controle	média flg22	MaxFold	TAG
AT1G73260.1	10981,01	13	235311	245042	217468	373014	335556	338218	0,001143605	232607	348929	1,500081	UP
AT1G55060.1	3806,64	7	11099	9943	11251	14724	18709	16815	0,012249488	10764	16749	1,555996	UP
AT3G49120.1	12731,65	20	130617	155212	155119	238073	239295	217036	0,000798533	146983	231468	1,574796	UP
AT4G19810.1	1434,48	6	1948	1920	2029	2761	3404	3161	0,011533567	1966	3109	1,581539	UP
AT4G15390.1	621,80	4	18643	24790	24755	41794	33406	36575	0,005560743	22729	37258	1,639211	UP
AT2G19480.3	972,09	3	15127	12432	11305	16273	22381	25485	0,036555896	12954	21380	1,650380	UP
AT3G58730.1	1192,37	3	7343	7647	6724	14808	11284	10031	0,036789449	7238	12041	1,663535	UP
AT1G48920.1	1359,21	12	6822	5981	7884	10091	11317	13286	0,009713377	6896	11565	1,677065	UP
AT2G44350.1	2282,58	15	34745	38807	39749	78569	51300	63412	0,036249633	37767	64427	1,705915	UP
AT4G26110.2	1128,07	4	11474	11969	16230	17778	22729	27324	0,027954	13224	22610	1,709789	UP
AT3G10920.2	2426,87	2	22175	21256	28129	39582	39070	44375	0,001986397	23853	41009	1,719224	UP
AT4G24190.1	985,94	12	40856	17359	26420	39169	51324	55014	0,039741382	28212	48502	1,719226	UP
AT4G11290.1	5534,05	13	62762	73468	69766	126745	116697	113011	0,00043388	68665	118818	1,730391	UP
AT5G54810.1	2095,68	7	33060	31287	29755	42488	63364	60395	0,031704805	31368	55416	1,766663	UP
AT2G40010.1	7563,17	8	29080	33927	30900	56155	54795	56571	0,000591476	31302	55840	1,783904	UP
AT1G33120.1	16531,34	14	122041	47109	78699	119920	166187	162365	0,035976814	82616	149491	1,809458	UP
AT1G33590.1	867,83	3	8132	9386	8228	16074	15980	15031	0,000104383	8582	15695	1,828848	UP
AT3G02560.1	1384,96	5	14196	5933	8887	18329	17811	16944	0,038115499	9672	17695	1,829491	UP
AT5G54640.1	3091,09	3	80255	68937	78918	139919	139811	140520	0,001500921	76037	140084	1,842318	UP
AT1G62290.1	2596,63	4	2343	2557	2325	4426	4658	4242	0,000202094	2408	4442	1,844447	UP
AT5G61170.1	10933,69	9	38338	23893	27368	50017	57910	58337	0,005959099	29866	55421	1,855653	UP
AT3G01420.1	4949,32	23	31649	32389	34215	51497	65713	71514	0,017456389	32751	62908	1,920803	UP
AT1G04270.1	11383,11	7	113172	47955	79955	108410	183079	174966	0,03550051	80361	155485	1,934832	UP

AT4G27090.1	1916,87	3	38197	20265	19988	64227	44837	43106	0,027113711	26150	50723	1,939707	UP
AT5G20980.1	5134,43	22	15697	16207	15584	36778	30761	24976	0,023728598	15829	30839	1,948217	UP
AT3G24503.1	1178,43	13	30759	34140	35204	70992	59162	65490	0,00273571	33367	65215	1,954443	UP
AT5G47210.1	1728,60	7	46643	16189	43508	55603	80311	74563	0,025167401	35447	70159	1,979283	UP
AT5G27670.1	2092,07	2	28166	27128	26948	48844	59544	56382	0,006068915	27414	54923	2,003488	UP
AT3G01290.1	4164,89	9	33642	43569	48729	86711	82571	85966	0,003369451	41980	85083	2,026735	UP
AT1G65970.1	4120,37	8	30455	33926	28038	68123	59656	63682	0,000339838	30806	63820	2,071657	UP
AT2G37270.1	9128,74	11	92012	89558	92162	225223	183475	159764	0,017838947	91244	189487	2,076710	UP
AT3G12490.1	1384,27	3	18140	27893	18739	54714	38634	41367	0,011447436	21591	44905	2,079839	UP
AT3G46520.1	8849,55	17	88425	103545	101356	202957	202113	208143	0,000269265	97775	204404	2,090551	UP
AT3G48930.1	17783,39	13	96035	22145	116271	113485	223493	176451	0,048216028	78150	171143	2,189924	UP
AT1G67430.1	10685,26	7	120672	37019	111022	151481	236748	204562	0,02051281	89571	197597	2,206036	UP
AT4G11600.1	1663,70	3	24346	19539	21937	58879	39768	47137	0,017240646	21941	48595	2,214806	UP
AT5G41520.1	4169,67	6	10298	11404	13382	24359	25750	28688	0,000599059	11695	26266	2,245899	UP
AT3G12500.1	5949,54	9	18839	20782	22262	48200	46815	47503	0,000163506	20628	47506	2,303036	UP
AT5G38930.1	6816,41	2	20411	21999	38855	92405	51372	52941	0,043151448	27088	65573	2,420703	UP
AT1G76180.1	5475,76	10	65408	33497	36166	119389	112404	116909	0,008463397	45023	116234	2,581629	UP
AT5G63400.1	2585,43	9	17810	11516	15108	33101	36656	48032	0,0102192	14811	39263	2,650875	UP
AT2G16360.1	10300,96	4	42449	15962	21605	60493	82751	80629	0,005749917	26672	74624	2,797858	UP
AT3G04840.1	8930,02	14	37719	20336	36736	54699	110482	102048	0,034294226	31597	89076	2,819179	UP
AT1G13930.1	10882,80	10	36128	47988	54637	92597	148027	150625	0,019245832	46251	130416	2,819774	UP
AT1G20440.1	8480,24	13	88245	28029	60835	126177	198194	193568	0,010068218	59036	172646	2,924412	UP
AT2G21580.2	9438,93	4	28054	10484	14944	34276	66883	55291	0,024365416	17827	52150	2,925267	UP
AT4G34670.1	8075,25	11	23601	14845	24689	38838	75532	70355	0,031371577	21045	61575	2,925923	UP
AT5G04800.1	9499,61	3	67141	44682	46133	186268	132423	144631	0,006655941	52652	154441	2,933244	UP
AT5G16130.1	2407,08	6	14930	5989	10250	33324	28212	30095	0,002682674	10390	30544	2,939789	UP
AT4G16260.1	16623,14	20	118869	149739	134347	413606	382820	390561	1,73922E-05	134318	395662	2,945708	UP
AT2G44120.1	11411,02	14	32366	3336	30366	51628	77499	70933	0,011316857	22023	66687	3,028075	UP
AT4G08770.1	23236,51	24	130043	132720	137683	404965	444008	382069	0,001895613	133482	410347	3,074175	UP
AT3G09680.1	3283,25	3	21010	10178	8428	29292	50928	41800	0,013990042	13205	40673	3,080108	UP
AT4G25740.1	2929,92	4	28072	33748	32986	71733	103177	118236	0,019198842	31602	97715	3,092067	UP
AT3G04720.1	6185,52	5	38653	63755	61148	189137	166478	166571	0,000204538	54519	174062	3,192711	UP

AT2G38540.1	3546,43	2	17424	23404	25778	67499	69699	79234	0,000315953	22202	72144	3,249422	UP
AT5G38940.1	9455,75	4	31490	36964	42876	157126	121115	106170	0,011181791	37110	128137	3,452894	UP
AT1G20450.2	1912,14	5	3156	1170	1305	6052	7280	6773	0,003126952	1877	6702	3,571086	UP
AT3G13580.1	6117,05	11	4072	321	4006	7371	11972	11287	0,009036413	2800	10210	3,646760	UP
AT4G39200.2	10954,67	5	14760	5644	5661	29818	44318	23756	0,020249012	8688	32631	3,755662	UP
AT2G34480.1	4118,92	9	35337	11543	48406	101663	137179	126974	0,001975959	31762	121939	3,839147	UP
AT5G02870.2	13340,50	23	13753	2594	22178	24938	73607	55516	0,049213441	12842	51354	3,998884	UP
AT3G15660.1	1260,93	3	2834	2764	3712	14282	12023	13571	0,000571385	3103	13292	4,283366	UP
AT3G46030.1	9455,11	4	69583	21105	29228	121118	191523	204135	0,00926151	39972	172259	4,309510	UP
AT5G15200.1	7210,38	9	29257	11290	42028	96890	135805	133612	0,002533202	27525	122102	4,436048	UP
AT1G22780.1	12355,62	8	32857	12420	28544	108997	120964	119703	0,000326188	24607	116555	4,736621	UP
AT1G62380.1	2022,94	4	6477	9370	12923	65284	34474	39826	0,027725045	9590	46528	4,851635	UP
AT4G08780.1	5349,92	20	6965	8463	8227	38048	41227	37493	0,000174247	7885	38922	4,936231	UP
AT4G02520.1	26256,41	18	75302	62115	69054	455523	318624	268991	0,018602272	68823	347713	5,052248	UP
AT5G64120.1	3779,77	10	9530	12660	15799	72695	68948	64117	5,0574E-05	12663	68586	5,416373	UP
AT3G09630.1	12896,77	27	16587	3801	27676	38119	121832	100398	0,048574323	16021	86783	5,416749	UP
AT3G60770.1	7062,33	8	13332	5038	13925	34360	90006	67901	0,038377779	10765	64089	5,953542	UP
AT2G01250.1	12587,31	14	20293	1474	25667	77834	107677	104798	0,001571751	15811	96770	6,120284	UP
AT1G02920.1	7939,26	15	19288	24862	15705	189798	122757	120966	0,015033557	19952	144507	7,242862	UP
AT1G18540.1	5887,15	11	11068	2418	12645	32957	92396	70003	0,039156797	8711	65119	7,475823	UP
AT1G07660.1	16271,89	7	24534	12053	14993	163768	113434	123423	0,006554892	17193	133542	7,767074	UP
AT1G74050.1	5333,20	9	5586	1344	4654	19112	58130	45816	0,041165205	3861	41019	10,623130	UP
AT1G55020.1	804,20	5	5778	5059	6438	49259	64978	77830	0,009661367	5758	64022	11,118225	UP
AT4G11650.1	2023,27	5	6228	10703	6954	127471	105738	99337	0,00286774	7961	110848	13,923352	UP
AT1G02930.1	7065,15	11	3417	3342	2216	174822	124351	122608	0,007546967	2992	140594	46,997536	UP
AT1G64200.1	2699,18	7	1	1	1	2964	3302	3193	0,000498164	1	3153	3153,111312	UP
AT3G49110.1	5146,42	12	1	1	1	4947	4596	4562	0,000342281	1	4702	4701,668253	UP
AT5G13850.1	11409,92	4	1	1	1	59115	46370	43208	0,004742657	1	49564	49564,421932	UP
AT5G12110.1	4425,22	7	1689	1212	1944	1	1	1	0,008621334	1615	1	0,000619	DOWN
AT4G20890.1	12206,85	27	29278	30131	26532	1	1	1	0,000716773	28647	1	0,000035	DOWN
AT3G11940.1	10770,93	11	87313	84984	87455	1	1	1	4,28013E-05	86584	1	0,000012	DOWN
AT1G68560.1	540,33	5	29377	28288	28049	9343	10937	11119	1,41883E-05	28571	10466	0,366320	DOWN

AT5G15490.1	920,78	8	7271	12102	7672	4166	2989	3243	0,031540478	9015	3466	0,384449	DOWN
AT3G08900.1	3186,52	9	6904	6626	7041	3300	2798	2673	9,86929E-05	6857	2924	0,426399	DOWN
AT5G20950.1	1101,60	11	37264	34213	42718	11375	21311	19348	0,003436803	38065	17345	0,455659	DOWN
AT5G67400.1	1310,54	7	33468	23879	34478	11541	17314	15376	0,01275652	30609	14744	0,481683	DOWN
AT5G12250.1	9653,78	27	20437	21097	17669	11212	8658	9064	0,001036753	19734	9645	0,488723	DOWN
AT3G54400.1	724,37	7	22925	25766	30700	11845	15776	14899	0,008494259	26464	14174	0,535585	DOWN
AT3G13460.1	299,16	3	11381	16094	13046	6418	7371	8574	0,016096719	13507	7454	0,551887	DOWN
AT5G20630.1	2731,61	3	30475	24706	36435	11607	21444	17978	0,01978737	30539	17010	0,557001	DOWN
AT3G07320.1	491,04	2	23450	15465	15656	10841	8307	11580	0,039927976	18190	10243	0,563083	DOWN
AT3G13790.2	765,82	6	31827	30246	32031	12074	22709	18542	0,022075676	31368	17775	0,566660	DOWN
AT5G39320.1	1677,87	9	43064	45303	44457	25486	26328	24793	2,56891E-05	44275	25536	0,576752	DOWN
AT2G43100.1	3035,25	5	16944	22140	19741	11815	11438	11437	0,016170039	19608	11563	0,589692	DOWN
AT5G26360.1	299,00	2	24879	18524	20665	10515	14396	13837	0,012690916	21356	12916	0,604795	DOWN
AT3G27740.2	652,18	2	16954	17790	18292	8962	9947	13289	0,012929663	17679	10733	0,607088	DOWN
AT4G30170.1	11640,87	23	165527	167989	186957	90191	114950	111232	0,001422004	173491	105458	0,607856	DOWN
AT1G20620.2	7026,31	18	128053	107356	121120	57960	80631	80301	0,004968998	118843	72964	0,613953	DOWN
AT5G09810.1	16324,02	29	85048	82057	85166	49182	50598	55342	0,000256788	84090	51707	0,614903	DOWN
AT2G35120.1	2331,90	3	55794	60829	69460	31900	42287	40352	0,005337253	62027	38179	0,615524	DOWN
AT2G15620.1	636,80	3	21453	20428	21674	7898	15564	15904	0,043984866	21185	13122	0,619397	DOWN
AT2G31610.1	5306,07	15	84623	76504	80949	38038	55910	56137	0,012074929	80692	50028	0,619986	DOWN
AT3G12390.1	10184,86	7	181809	172114	191697	134784	105725	98516	0,005946038	181873	113008	0,621357	DOWN
AT2G25980.1	855,28	2	23373	30339	31379	13002	17697	23025	0,026867576	28364	17908	0,631369	DOWN
AT3G22960.1	506,27	4	31215	27005	24025	13999	19269	19109	0,011303507	27415	17459	0,636839	DOWN
AT3G08030.1	2145,58	8	10737	12115	12089	8096	5993	8193	0,005858117	11647	7427	0,637694	DOWN
AT5G52920.1	462,40	3	39230	40410	34232	18433	26558	27891	0,011931988	37957	24294	0,640028	DOWN
AT2G41800.1	767,94	5	23392	18556	21126	9622	15799	14973	0,019381079	21025	13465	0,640426	DOWN
AT1G79920.1	2190,39	25	35262	41614	36604	18349	27871	27148	0,014074142	37827	24456	0,646522	DOWN
AT4G12420.1	460,81	3	21460	18048	17606	12324	12028	12588	0,014713444	19038	12313	0,646767	DOWN
AT3G18190.1	482,90	2	28175	29225	21269	13856	17399	20034	0,023227713	26223	17096	0,651966	DOWN
AT1G48600.1	1028,37	5	42756	34186	33222	15036	28784	29129	0,049844353	36721	24316	0,662180	DOWN
AT2G21660.1	34944,25	10	128006	145823	143443	84956	97492	95076	0,00180438	139091	92508	0,665089	DOWN
AT1G58270.1	3068,21	6	40654	42088	47633	24892	31650	30281	0,00403619	43458	28941	0,665948	DOWN

AT3G47370.2	6305,84	6	119226	86107	97439	57391	76396	68044	0,026673062	100924	67277	0,666609	DOWN
AT4G25630.1	5856,67	15	48392	29120	35170	21021	22868	23107	0,056983161	37561	22332	0,594565	UNCHANGED
AT3G44750.2	2997,36	5	24669	21604	37427	12026	26722	16323	0,10893857	27900	18357	0,657960	UNCHANGED
AT3G17390.1	9771,83	24	146484	129983	168287	84398	107085	105609	0,013359113	148251	99031	0,667993	UNCHANGED
AT3G54470.1	555,99	4	16994	19901	16574	7906	13243	14770	0,044088775	17823	11973	0,671762	UNCHANGED
AT2G14740.1	420,12	3	7847	5434	7579	3699	5588	4821	0,040738742	6953	4703	0,676388	UNCHANGED
AT4G26010.1	8418,76	16	134641	140414	142304	66238	105535	111237	0,041651874	139120	94337	0,678098	UNCHANGED
AT3G29250.2	940,20	2	16482	25281	24076	14153	13708	16823	0,056082337	21946	14895	0,678687	UNCHANGED
AT2G04780.1	5437,53	3	5786	28294	17441	15023	9536	10513	0,245510915	17174	11691	0,680729	UNCHANGED
AT3G21770.1	6490,28	16	89553	106385	103962	44893	84201	75447	0,050100619	99967	68180	0,682030	UNCHANGED
AT4G26900.1	393,08	2	12269	13833	10786	7458	9131	8570	0,013979996	12296	8386	0,682042	UNCHANGED
AT1G04170.1	454,83	2	11020	9340	10562	4629	8753	7714	0,051622235	10307	7032	0,682255	UNCHANGED
AT2G37870.1	13263,99	4	2949	2047	2534	1656	1725	1762	0,045298642	2510	1714	0,682935	UNCHANGED
AT3G26720.1	445,44	5	16235	16810	17830	9660	12959	12129	0,009153346	16959	11583	0,683018	UNCHANGED
AT5G59090.1	3227,16	18	190954	197692	219367	80301	178201	156948	0,077690722	202671	138483	0,683291	UNCHANGED
AT1G22530.1	4449,08	33	111828	110111	108666	48143	88670	91226	0,066665511	110202	76013	0,689762	UNCHANGED
AT3G58510.1	813,03	10	23921	24521	24940	13558	18863	18259	0,021058217	24460	16893	0,690642	UNCHANGED
AT1G09620.1	293,22	2	16702	14794	15650	6348	14532	11701	0,087553915	15715	10860	0,691052	UNCHANGED
AT5G35360.1	1759,28	13	43807	36606	37760	19546	32739	29573	0,036456474	39391	27286	0,692693	UNCHANGED
AT5G44120.3	493,91	2	8509	14408	22557	26634	1455	3424	0,321597266	15158	10504	0,692986	UNCHANGED
AT1G20010.1	11826,19	30	32733	37906	36315	26707	24130	23547	0,003267801	35651	24795	0,695483	UNCHANGED
AT3G12110.1	9414,96	20	58367	71434	81988	51402	48864	47118	0,041804484	70596	49128	0,695902	UNCHANGED
AT3G16400.1	11797,16	32	271532	253291	278733	183707	206736	171691	0,002141845	267852	187378	0,699558	UNCHANGED
AT3G19450.1	3620,24	11	82205	70543	80327	60996	52247	49953	0,004655292	77692	54398	0,700181	UNCHANGED
AT5G60980.1	1047,22	6	37889	27746	31089	20874	23338	23710	0,037075705	32241	22641	0,702232	UNCHANGED
AT4G01850.1	10526,76	25	132652	154632	153535	92146	104972	112485	0,00502298	146940	103201	0,702335	UNCHANGED
AT5G62690.1	14090,56	31	149129	156859	137529	118561	96383	98402	0,004895705	147839	104449	0,706504	UNCHANGED
AT1G20630.1	2265,83	6	10924	9112	10212	6132	8174	7214	0,010851051	10083	7173	0,711412	UNCHANGED
AT4G37910.1	1818,08	17	34298	47905	36333	25764	30748	27956	0,051691266	39512	28156	0,712597	UNCHANGED
AT3G01190.1	4383,66	16	87372	99330	114407	53207	76340	85203	0,041216502	100370	71583	0,713195	UNCHANGED
AT1G79330.1	1048,15	3	8565	7609	8086	6635	5549	5118	0,00892875	8087	5768	0,713226	UNCHANGED
AT1G79930.2	1926,14	25	28295	33393	29372	16312	24777	24134	0,033199512	30353	21741	0,716264	UNCHANGED

AT2G16005.1	8738,79	6	23397	22611	18780	15589	12946	17882	0,019270729	21596	15472	0,716457	UNCHANGED
AT3G44320.1	1521,89	5	16641	17780	18788	6985	15705	15469	0,109343597	17736	12719	0,717141	UNCHANGED
AT3G59920.1	1388,70	12	30208	29358	31403	17017	24639	23607	0,031037787	30323	21754	0,717420	UNCHANGED
AT5G14030.1	2426,63	3	73509	52242	61588	26919	57305	50617	0,099897232	62447	44947	0,719767	UNCHANGED
AT5G20890.1	617,75	2	18521	29559	23581	15838	16940	18825	0,08191426	23887	17201	0,720095	UNCHANGED
AT4G39660.1	1476,11	6	29499	27847	26717	15413	22874	22653	0,037942748	28021	20313	0,724931	UNCHANGED
AT5G26260.1	7625,80	21	118634	100746	112444	56398	99444	85573	0,063440946	110608	80472	0,727537	UNCHANGED
AT1G72150.1	2087,37	12	61894	69667	64721	29277	54297	59407	0,095631074	65427	47660	0,728444	UNCHANGED
AT3G07770.1	293,26	2	20434	21613	17063	10032	16705	16442	0,060652446	19703	14393	0,730485	UNCHANGED
AT1G23190.1	2581,67	21	48645	48960	47753	29488	39631	37085	0,024313022	48453	35401	0,730639	UNCHANGED
AT5G11170.1	994,89	9	22344	35687	21836	18070	19901	20434	0,126850219	26622	19468	0,731282	UNCHANGED
AT1G56340.2	7031,52	20	115518	109025	104466	68835	85011	86920	0,009440414	109670	80255	0,731790	UNCHANGED
AT3G54960.1	570,68	2	11161	14093	13511	7673	10550	10172	0,026551866	12921	9465	0,732471	UNCHANGED
AT3G07480.1	1273,61	2	28193	24020	22853	6628	26695	21666	0,191806555	25022	18330	0,732540	UNCHANGED
AT1G48630.1	2361,34	14	29660	38207	30419	24806	22483	25567	0,038704948	32762	24285	0,741260	UNCHANGED
AT4G29010.1	639,83	3	24811	25104	24570	14147	21558	19536	0,050228669	24828	18414	0,741641	UNCHANGED
AT3G03780.1	11709,56	38	120731	120704	110174	76610	94928	89917	0,007132397	117203	87152	0,743598	UNCHANGED
AT1G30580.1	3457,21	19	76565	64936	62484	36452	57401	58136	0,060183705	67995	50663	0,745100	UNCHANGED
AT3G53230.1	2920,78	28	53433	53464	53293	29669	44416	45528	0,059012636	53397	39871	0,746695	UNCHANGED
AT5G34850.1	1571,55	6	40767	36585	41094	19569	37957	30999	0,099010223	39482	29508	0,747386	UNCHANGED
AT3G22110.1	1090,92	4	24360	26415	25774	21939	22148	13130	0,078848633	25516	19072	0,747462	UNCHANGED
AT1G63000.1	2908,13	13	77029	77178	81214	71600	52541	52357	0,042678413	78474	58833	0,749717	UNCHANGED
AT5G07350.1	536,91	9	19478	19213	17626	9114	17024	16204	0,100061498	18773	14114	0,751823	UNCHANGED
AT1G49760.1	886,50	13	19633	26080	19656	15240	16113	17898	0,058217989	21790	16417	0,753431	UNCHANGED
AT4G02930.1	5856,33	20	114342	104805	105528	68301	91772	85107	0,023088057	108225	81727	0,755156	UNCHANGED
AT1G04820.1	14146,50	28	213568	226986	209731	170239	163414	157960	0,000956499	216762	163871	0,755994	UNCHANGED
AT5G35630.1	1365,63	6	49072	50555	51731	35611	41076	38165	0,003438082	50453	38284	0,758805	UNCHANGED
AT5G46290.1	1825,07	16	77352	82297	74854	55696	62547	60004	0,001639241	78168	59416	0,760108	UNCHANGED
AT2G37620.1	8400,98	20	20703	28855	23917	16695	19468	19826	0,059348591	24492	18663	0,762002	UNCHANGED
AT4G23100.1	404,14	2	36896	32453	39935	29434	25478	28670	0,019213692	36428	27861	0,764821	UNCHANGED
AT1G78570.1	862,79	11	22494	21931	23685	16127	18076	18036	0,001771357	22703	17413	0,766991	UNCHANGED
AT5G04430.2	1470,11	7	20575	27194	24705	20364	16434	18842	0,040564189	24158	18547	0,767715	UNCHANGED

AT1G11840.2	6643,36	16	108346	99135	92609	60997	89819	80215	0,047298462	100030	77010	0,769873	UNCHANGED
AT2G45470.1	1520,46	5	74278	75931	90081	64229	61103	59809	0,029428412	80097	61714	0,770491	UNCHANGED
AT1G49240.1	14376,79	29	376139	329110	352442	276784	278489	261698	0,008491746	352564	272324	0,772409	UNCHANGED
AT2G38700.1	567,93	2	38772	34092	35860	21899	32305	30067	0,053870743	36241	28090	0,775088	UNCHANGED
AT2G37130.2	805,21	3	21818	24889	23691	11557	23650	19369	0,136031743	23466	18192	0,775249	UNCHANGED
AT2G30110.1	331,76	4	20783	20183	18406	12662	16592	16800	0,030371719	19791	15351	0,775679	UNCHANGED
AT5G64100.1	18717,97	19	316494	326602	342684	176090	297502	291413	0,099988232	328593	255002	0,776040	UNCHANGED
AT4G13940.1	15598,59	32	268702	213792	213813	160057	184082	197367	0,043554945	232102	180502	0,777683	UNCHANGED
AT1G11860.1	1809,87	9	40358	38255	45115	20736	36895	38665	0,122748439	41243	32099	0,778286	UNCHANGED
AT5G48230.1	2661,31	7	79292	81083	82847	69103	61032	59238	0,009419798	81074	63124	0,778601	UNCHANGED
AT1G47250.1	1345,34	6	9391	9156	9460	9540	6664	5643	0,109930378	9336	7282	0,780064	UNCHANGED
AT2G21130.1	5100,30	10	1953	2065	2150	1492	1524	1799	0,012345132	2056	1605	0,780610	UNCHANGED
AT3G15950.1	4259,48	40	184341	188238	195734	116012	165386	162916	0,059057235	189438	148105	0,781812	UNCHANGED
AT5G13110.1	300,46	3	7045	7580	7597	5523	5732	6184	0,001997607	7407	5813	0,784721	UNCHANGED
AT1G09780.1	3373,29	30	145452	169073	164215	93427	136253	146127	0,077922025	159580	125269	0,784994	UNCHANGED
AT1G63940.1	4381,92	21	118718	128884	112593	78635	100727	103455	0,030280814	120065	94272	0,785175	UNCHANGED
AT4G13430.1	3885,75	16	93136	110533	76784	59838	80428	80397	0,088898481	93484	73554	0,786811	UNCHANGED
AT3G09820.1	20118,97	23	156229	153835	159057	122255	120885	126059	5,19797E-05	156373	123066	0,787001	UNCHANGED
AT5G49460.1	1323,28	13	33433	33353	33393	19290	30105	29768	0,093593761	33393	26387	0,790210	UNCHANGED
AT2G18980.1	4377,63	17	25788	25193	28234	17935	23895	20841	0,032418102	26405	20890	0,791142	UNCHANGED
AT4G19410.1	3411,41	10	64717	42745	54998	25926	55925	47277	0,186619287	54153	43043	0,794830	UNCHANGED
AT3G29360.1	1293,74	10	23058	19900	20766	20521	15179	15019	0,061551454	21241	16906	0,795915	UNCHANGED
AT3G62830.1	606,81	5	13879	13186	15506	9366	12235	12343	0,040369704	14190	11314	0,797347	UNCHANGED
AT1G01620.1	1190,32	3	114043	108906	123337	79714	99948	96886	0,02236651	115429	92183	0,798611	UNCHANGED
AT4G20850.1	355,06	4	17084	14204	15716	10624	14252	12800	0,042558555	15668	12559	0,801553	UNCHANGED
AT2G17630.1	3765,05	15	28070	33775	31602	19369	28121	27570	0,075984073	31149	25020	0,803232	UNCHANGED
AT3G22850.1	1040,39	4	41190	43020	43505	38181	33290	31160	0,022417388	42572	34210	0,803590	UNCHANGED
AT1G35580.3	453,80	2	10133	6159	9407	3242	6657	10754	0,272958027	8566	6884	0,803666	UNCHANGED
AT1G26630.1	9801,50	13	277869	288302	268971	163922	263369	244007	0,105836881	278381	223766	0,803813	UNCHANGED
AT2G30970.1	2188,64	15	75940	71352	75578	45955	63416	70076	0,088741616	74290	59816	0,805164	UNCHANGED
AT5G26320.1	1365,22	3	27036	21126	21689	20493	19183	16693	0,062642383	23284	18789	0,806966	UNCHANGED
AT3G06650.1	1662,02	14	36870	36783	36826	21791	34008	33628	0,111130434	36826	29809	0,809443	UNCHANGED

AT1G66270.1	9813,75	37	188791	136797	162949	100729	153889	141069	0,115817203	162845	131896	0,809943	UNCHANGED
AT3G06300.1	1121,32	4	29422	30277	31513	19673	29049	25175	0,081279037	30404	24633	0,810175	UNCHANGED
AT3G16410.1	8227,60	27	47254	44080	48507	37103	41755	34677	0,015471608	46614	37845	0,811885	UNCHANGED
AT2G19760.1	11898,69	9	202539	182997	211840	173755	168990	142399	0,022753499	199125	161715	0,812127	UNCHANGED
AT4G13850.4	6077,22	4	30920	27094	30497	25166	24233	22487	0,012261057	29504	23962	0,812177	UNCHANGED
AT3G13860.1	346,32	2	8048	9374	7897	6710	7077	6785	0,035316096	8440	6858	0,812540	UNCHANGED
AT4G37870.1	1725,51	14	42266	44238	40669	26069	39719	37555	0,098236031	42391	34448	0,812611	UNCHANGED
AT3G15730.1	1770,62	22	104324	108362	99101	57611	101723	94530	0,145816516	103929	84621	0,814221	UNCHANGED
AT5G07030.1	3452,47	20	136083	134447	150952	123632	111797	107833	0,010751644	140494	114421	0,814417	UNCHANGED
AT5G19770.1	9599,45	24	110956	115981	113248	101412	88608	87271	0,016662046	113395	92430	0,815116	UNCHANGED
AT5G37510.1	1005,51	12	75595	65524	72351	50568	65569	58116	0,037819019	71157	58084	0,816289	UNCHANGED
AT4G13930.1	12728,66	36	200517	194362	202366	143346	171936	172348	0,027522168	199081	162544	0,816468	UNCHANGED
AT3G25860.1	1247,98	7	26604	31035	28666	26932	22199	21527	0,037652565	28768	23553	0,818719	UNCHANGED
AT3G09840.1	3780,11	43	63229	63459	67566	42849	59225	57004	0,070756676	64751	53026	0,818917	UNCHANGED
AT1G48030.1	2943,97	16	42971	45818	47681	23311	44752	43817	0,18094695	45490	37293	0,819806	UNCHANGED
AT1G34430.1	992,47	2	12515	14886	10679	10349	10833	10043	0,099008096	12693	10408	0,819993	UNCHANGED
AT4G29840.1	947,57	7	35932	40754	39114	33245	30521	31200	0,01048097	38600	31655	0,820088	UNCHANGED
AT3G23940.2	405,18	3	26327	28644	24850	22354	22774	20419	0,014534786	26607	21849	0,821171	UNCHANGED
AT3G57610.1	1043,47	7	22860	27292	21824	20955	18164	20000	0,054134553	23992	19706	0,821363	UNCHANGED
AT2G46280.1	1585,85	8	28319	26311	29060	12057	27480	29242	0,229669453	27897	22926	0,821826	UNCHANGED
AT2G01520.1	35285,86	19	587041	548171	629044	470271	467491	512814	0,01314172	588085	483525	0,822203	UNCHANGED
AT1G18080.1	4117,23	17	92717	123250	101099	76239	87530	97346	0,087172655	105689	87038	0,823534	UNCHANGED
AT2G02930.1	17882,52	13	5329	3912	4452	5226	3340	2716	0,208513499	4564	3761	0,823934	UNCHANGED
AT5G18170.1	3538,04	7	15662	13356	13841	9232	14001	12108	0,103169876	14286	11780	0,824570	UNCHANGED
AT1G66410.1	3960,76	5	61266	44705	53453	78533	23748	29197	0,325764912	53141	43826	0,824712	UNCHANGED
AT3G12290.1	2754,46	7	34987	35762	31307	24089	30440	29641	0,038906166	34019	28056	0,824731	UNCHANGED
AT2G45710.1	16059,87	5	169470	144751	168369	97252	159436	141569	0,132912222	160863	132752	0,825250	UNCHANGED
AT3G10090.1	6755,41	4	101693	85216	91838	63987	88987	77701	0,07453798	92916	76892	0,827544	UNCHANGED
AT3G16450.1	14675,77	20	265178	244145	289815	268315	208615	184463	0,100382344	266380	220464	0,827633	UNCHANGED
AT2G29550.1	10550,91	31	24951	26762	21019	20151	16758	23317	0,088602555	24244	20076	0,828061	UNCHANGED
AT1G77940.1	14363,92	7	79811	61419	82124	48169	71472	65688	0,1285569	74451	61776	0,829754	UNCHANGED
AT3G12915.1	5324,16	35	64251	62121	58580	43333	58894	51349	0,066637169	61651	51192	0,830360	UNCHANGED

AT1G09210.1	4031,91	20	53976	56322	59962	45917	47190	48330	0,009907532	56753	47146	0,830710	UNCHANGED
AT5G09590.1	1432,02	15	28717	31527	24377	21821	24579	23903	0,067900612	28207	23434	0,830795	UNCHANGED
AT5G03300.1	17494,71	23	42635	48158	48376	39106	40223	36788	0,017676451	46390	38706	0,834358	UNCHANGED
AT2G42520.1	604,61	7	10811	11054	11029	7665	9903	9886	0,066677437	10965	9151	0,834611	UNCHANGED
AT3G16640.1	17506,17	10	203445	206151	205344	201757	157786	153802	0,078996802	204980	171115	0,834789	UNCHANGED
AT4G26690.1	1013,06	5	44842	47247	51095	44658	37367	37579	0,031799779	47728	39868	0,835322	UNCHANGED
AT5G44130.1	1039,36	3	36195	40278	48354	30635	43801	30019	0,152758164	41609	34818	0,836799	UNCHANGED
AT2G36880.1	10357,91	26	280131	243087	230988	196232	220718	214239	0,045487331	251402	210397	0,836892	UNCHANGED
AT1G07750.1	2286,73	7	31923	35917	33320	30591	26054	28045	0,018060408	33720	28230	0,837200	UNCHANGED
AT5G14040.1	1366,69	6	71146	51054	53697	50650	50129	46692	0,134795654	58633	49157	0,838389	UNCHANGED
AT1G64230.4	8674,69	3	101119	80784	88808	56014	88686	82384	0,146754592	90237	75694	0,838842	UNCHANGED
AT1G51470.1	4864,10	20	67337	62822	74303	55115	62658	53761	0,033374666	68154	57178	0,838949	UNCHANGED
AT3G26450.1	4849,97	7	42539	36449	37734	36839	32248	28843	0,052824131	38907	32643	0,838998	UNCHANGED
AT1G47600.1	4927,69	21	79692	76627	88768	63309	76149	66303	0,034860885	81696	68587	0,839543	UNCHANGED
AT1G28290.2	3164,29	7	131960	95166	92872	79023	93487	96267	0,155743771	106666	89593	0,839935	UNCHANGED
AT2G41840.1	14067,30	18	275315	139415	173149	137833	190171	166279	0,267050658	195960	164761	0,840790	UNCHANGED
AT2G41220.1	248,97	5	19758	16584	17164	8937	19321	16793	0,233626194	17835	15017	0,841987	UNCHANGED
AT3G16470.1	10615,67	17	274792	265967	247947	189872	250565	226027	0,066421695	262902	222155	0,845009	UNCHANGED
AT1G21750.1	5213,65	33	91118	109599	105656	76247	94033	88694	0,054936496	102124	86325	0,845295	UNCHANGED
AT2G20360.1	2159,56	13	82900	57651	76115	57443	70317	55464	0,144774768	72222	61075	0,845652	UNCHANGED
AT2G26080.1	546,09	6	21044	26422	24277	17872	20294	22574	0,076299409	23914	20247	0,846642	UNCHANGED
AT1G12000.1	1928,74	19	57590	63697	49349	32999	53812	57703	0,194988317	56879	48171	0,846912	UNCHANGED
AT3G16460.1	16097,20	32	421800	429052	442250	359799	378101	361489	0,000759162	431034	366463	0,850194	UNCHANGED
AT5G55480.1	666,19	5	21779	22831	25760	21111	19353	19384	0,039990076	23457	19949	0,850459	UNCHANGED
AT1G56190.2	3940,17	10	16660	13381	12780	11827	12420	12170	0,108452316	14273	12139	0,850482	UNCHANGED
AT3G11400.2	656,66	3	26339	31904	31657	16268	35365	24840	0,25462105	29967	25491	0,850648	UNCHANGED
AT5G17820.1	24456,58	22	436415	436508	441971	292290	422776	403850	0,124804218	438298	372972	0,850956	UNCHANGED
AT3G59970.3	2677,93	18	55493	69911	64303	52828	53847	54922	0,076299342	63236	53866	0,851826	UNCHANGED
AT5G44380.1	366,84	4	60012	56016	55822	38143	54745	53525	0,124933947	57283	48804	0,851983	UNCHANGED
AT5G40760.1	389,39	2	11088	10346	9791	7595	9886	9138	0,068508489	10408	8873	0,852485	UNCHANGED
AT3G08590.1	1395,78	23	39925	35154	37099	23341	35828	36517	0,163830326	37393	31895	0,852974	UNCHANGED
AT1G27450.2	5729,65	4	59516	65833	56084	67708	41201	46089	0,198091153	60478	51666	0,854295	UNCHANGED

AT1G12240.1	1842,35	6	23842	26712	27280	23915	24055	18527	0,082267276	25945	22166	0,854347	UNCHANGED
AT1G29880.1	345,98	2	19421	17390	17258	12062	17078	17183	0,131743759	18023	15441	0,856737	UNCHANGED
AT2G39990.1	1384,26	7	27118	27996	31665	28763	22109	23522	0,088598092	28927	24798	0,857271	UNCHANGED
AT3G13920.1	5175,21	24	159471	152036	168063	131930	145784	134198	0,011774271	159857	137304	0,858920	UNCHANGED
AT3G20370.1	3673,30	15	96332	95688	111047	96795	84329	79384	0,06029402	101022	86836	0,859569	UNCHANGED
AT4G24280.1	555,03	7	18156	22889	23045	17756	18498	18933	0,100740023	21363	18395	0,861071	UNCHANGED
AT3G23990.1	2753,28	22	76113	80285	67245	67463	61790	63684	0,05043248	74548	64312	0,862695	UNCHANGED
AT2G45290.1	837,89	7	13380	15019	13040	8065	13682	14017	0,21725807	13813	11921	0,863071	UNCHANGED
AT5G66280.1	382,04	2	28520	30465	31875	25348	26430	26661	0,018040979	30287	26146	0,863300	UNCHANGED
AT3G09200.1	11550,26	13	133526	155781	141884	142650	111441	118613	0,086523639	143730	124235	0,864363	UNCHANGED
AT1G16030.1	7331,78	28	26188	28702	28948	22549	24487	25561	0,01985852	27946	24199	0,865908	UNCHANGED
AT3G27380.1	707,19	4	35346	31581	36501	20851	35158	33612	0,210375545	34476	29874	0,866504	UNCHANGED
AT4G35830.1	5298,51	41	83661	85653	83217	60429	81424	77262	0,111782855	84177	73038	0,867674	UNCHANGED
AT1G24360.1	1649,71	4	29636	29080	26506	25094	24683	24226	0,026300147	28407	24667	0,868351	UNCHANGED
AT1G45000.1	1923,76	6	27232	21624	18995	22579	19198	17155	0,185874904	22617	19644	0,868551	UNCHANGED
AT5G56500.1	521,91	6	27840	31286	24644	22351	23521	26892	0,100678848	27923	24254	0,868605	UNCHANGED
AT3G51840.1	492,80	3	23892	21368	25809	25831	18280	17792	0,185843847	23689	20634	0,871030	UNCHANGED
AT2G43090.1	4875,68	12	43008	39968	43826	39492	36695	34300	0,024662911	42267	36829	0,871338	UNCHANGED
AT5G02500.1	16058,40	44	161403	152956	148554	108175	147766	147420	0,13337689	154304	134454	0,871354	UNCHANGED
AT3G14067.1	1025,12	7	31363	33167	34765	24190	32491	29880	0,109447272	33098	28854	0,871759	UNCHANGED
AT3G52990.2	938,20	3	14997	16747	13160	8801	12849	17512	0,269197716	14968	13054	0,872115	UNCHANGED
AT3G58610.1	2583,56	10	75752	92885	70247	55093	73310	79948	0,185143364	79628	69450	0,872183	UNCHANGED
AT3G53420.1	3328,09	5	62818	52390	70909	49115	55625	57669	0,139745774	62039	54136	0,872617	UNCHANGED
AT3G63460.2	541,01	8	38289	33943	32329	32285	29170	29929	0,058027506	34854	30461	0,873975	UNCHANGED
AT2G05710.1	5142,17	46	90436	93210	91215	69530	87736	83251	0,084553646	91621	80172	0,875047	UNCHANGED
AT5G35590.1	1591,06	8	39679	35986	34849	35904	31323	29608	0,066052067	36838	32278	0,876228	UNCHANGED
AT5G19510.1	12627,47	12	175060	196525	189590	189823	141155	161801	0,121875759	187059	164260	0,878119	UNCHANGED
AT4G38740.1	10895,36	14	269588	291032	295044	314344	222359	215185	0,196402488	285221	250629	0,878720	UNCHANGED
AT4G34870.1	25622,83	12	452384	472146	494562	441548	395110	411673	0,018068822	473031	416110	0,879668	UNCHANGED
AT1G07770.1	3536,42	5	80102	115463	89317	68006	74206	108889	0,267406161	94961	83700	0,881420	UNCHANGED
AT5G43830.1	2693,14	4	58132	59755	53469	64781	42888	43429	0,225229411	57119	50366	0,881784	UNCHANGED
AT2G36580.1	920,55	3	23202	25954	21714	13658	20272	28600	0,2958158	23623	20843	0,882326	UNCHANGED

AT2G44160.1	1728,78	15	27697	30383	27260	22996	25271	27057	0,048257119	28447	25108	0,882636	UNCHANGED
AT1G24180.1	2352,15	11	49138	49624	51379	25562	54855	52194	0,298108109	50047	44204	0,883249	UNCHANGED
AT1G53310.1	481,73	11	41475	36446	41160	32645	37059	35568	0,047324536	39694	35091	0,884032	UNCHANGED
AT2G44100.2	1026,94	9	33447	37488	41618	24268	38270	36966	0,225893306	37518	33168	0,884062	UNCHANGED
AT1G70490.1	7081,55	11	123560	120260	99634	116568	85738	102945	0,168658873	114484	101750	0,888771	UNCHANGED
AT1G56070.1	10378,19	57	328417	364795	306740	240642	328297	320963	0,169153528	333317	296634	0,889945	UNCHANGED
AT3G12780.1	1339,73	12	16336	16035	12725	13387	13142	13624	0,144761022	15032	13384	0,890373	UNCHANGED
AT5G60640.1	1003,49	17	37169	50387	47175	42692	36836	40532	0,17437421	44910	40020	0,891104	UNCHANGED
AT5G20010.1	12987,21	15	171758	160550	162002	129569	147491	163983	0,104430839	164770	147015	0,892239	UNCHANGED
AT5G08300.1	1533,32	7	67784	66184	62040	58345	61207	55390	0,021446636	65336	58314	0,892522	UNCHANGED
AT1G70310.1	1036,78	5	18122	17556	18867	17322	15447	15957	0,026519508	18182	16242	0,893312	UNCHANGED
AT5G08530.1	1012,19	5	31259	32044	33169	21143	33215	31847	0,23260165	32157	28735	0,893572	UNCHANGED
AT1G07370.1	1059,77	4	30495	35809	33625	24292	31610	33463	0,174222941	33310	29788	0,894280	UNCHANGED
AT2G02010.1	2836,91	5	77183	92828	90411	64258	84360	84595	0,171059481	86807	77738	0,895524	UNCHANGED
AT3G16430.1	10631,91	12	50313	55174	51025	47297	46545	46347	0,032429382	52171	46730	0,895708	UNCHANGED
AT3G05530.1	1219,31	11	37615	49250	47372	33938	41938	44441	0,194618362	44746	40105	0,896297	UNCHANGED
AT1G06030.1	5966,12	13	9981	8931	8727	9553	7456	7767	0,146004358	9213	8259	0,896440	UNCHANGED
AT4G31300.1	3161,78	6	29539	32256	31914	32312	24430	27321	0,148131263	31236	28021	0,897071	UNCHANGED
AT1G36240.1	14027,44	6	31392	24158	32302	20485	30396	27936	0,24395012	29284	26272	0,897146	UNCHANGED
AT3G60750.2	2398,04	21	62928	67121	61554	45974	61728	64341	0,187394541	63868	57348	0,897908	UNCHANGED
AT3G53260.1	515,42	3	13200	15060	13316	13434	11581	12342	0,078595617	13859	12452	0,898534	UNCHANGED
AT5G57870.1	617,80	6	21831	22016	19034	15641	20604	20274	0,166367502	20960	18839	0,898814	UNCHANGED
AT1G04410.1	43285,00	22	578582	629493	613892	591856	525323	520436	0,050075813	607322	545872	0,898817	UNCHANGED
AT5G66510.1	2314,25	9	31655	36487	34600	26253	33323	32855	0,140948138	34247	30811	0,899647	UNCHANGED
AT1G53580.1	2893,41	10	37129	32944	38683	29149	36457	32243	0,127896718	36252	32616	0,899717	UNCHANGED
AT5G23250.1	932,88	4	17990	17070	16555	15310	16342	14942	0,023836732	17205	15531	0,902720	UNCHANGED
AT1G70600.1	2076,46	3	72362	32607	50707	33373	57590	49623	0,366129702	51892	46862	0,903068	UNCHANGED
AT1G79550.1	14541,42	28	277518	258733	239208	261766	225272	213573	0,123989249	258486	233537	0,903479	UNCHANGED
AT4G23690.1	1316,68	4	20215	16064	21844	13098	21051	18371	0,278866365	19374	17507	0,903606	UNCHANGED
AT1G05260.1	12046,33	21	164079	176956	176648	160705	165993	141458	0,072467634	172561	156052	0,904330	UNCHANGED
AT5G58290.1	1309,61	8	33462	30039	30754	36530	25103	23883	0,274360706	31418	28505	0,907277	UNCHANGED
AT4G09320.1	16012,92	9	192886	174781	167173	209112	142893	133295	0,283467549	178280	161766	0,907372	UNCHANGED

AT4G26970.1	2526,48	27	94997	98038	95177	73829	94694	93028	0,157433906	96071	87184	0,907493	UNCHANGED
AT2G25450.1	3785,24	9	27397	33898	31882	25414	29533	29824	0,155691587	31059	28257	0,909778	UNCHANGED
AT2G24940.1	3277,37	4	31776	49937	51523	31216	49093	41006	0,326679966	44412	40438	0,910534	UNCHANGED
AT1G03230.1	6121,68	19	148649	138229	143779	140171	128706	123632	0,052472126	143552	130836	0,911420	UNCHANGED
AT3G52500.1	1121,02	4	35276	33161	36934	29370	35830	30944	0,128899215	35123	32048	0,912442	UNCHANGED
AT3G47800.1	657,04	2	6812	6720	9260	6664	7530	6605	0,258239903	7597	6933	0,912557	UNCHANGED
AT1G62660.1	7307,27	23	177293	157347	200370	188616	173233	127106	0,266789821	178337	162985	0,913918	UNCHANGED
AT2G37170.1	2568,32	2	115472	99608	138641	93089	111621	118632	0,25250943	117907	107781	0,914117	UNCHANGED
AT4G22930.1	990,12	3	22149	27123	24140	24716	18726	23736	0,214768832	24471	22393	0,915084	UNCHANGED
AT1G15930.2	7640,06	6	45120	53692	50161	65066	34018	37321	0,357936371	49658	45468	0,915627	UNCHANGED
AT5G19760.1	2319,37	6	31701	38525	36479	47639	25030	25057	0,366963148	35568	32575	0,915849	UNCHANGED
AT1G79530.1	4218,93	14	138011	127106	142287	137179	123358	113322	0,128937332	135801	124619	0,917660	UNCHANGED
AT3G06850.1	548,43	2	13002	21961	25115	17637	23449	14051	0,368370301	20026	18379	0,917756	UNCHANGED
AT5G17920.1	20687,87	55	576279	582760	537519	456444	553758	547712	0,13979307	565519	519305	0,918280	UNCHANGED
AT3G32980.1	20884,23	22	658176	623632	730830	480198	687817	681369	0,262114055	670879	616461	0,918886	UNCHANGED
AT5G23540.2	979,06	4	15133	16438	15805	11637	14616	17371	0,265921134	15792	14541	0,920816	UNCHANGED
AT4G10480.1	9480,15	8	56111	67179	66287	66668	52852	55521	0,215621341	63192	58347	0,923322	UNCHANGED
AT3G13930.1	1438,53	8	61195	56457	64878	50127	60184	58298	0,15331943	60843	56203	0,923735	UNCHANGED
AT1G65930.1	17795,13	43	380758	358350	347828	264794	373860	366242	0,261223604	362312	334965	0,924521	UNCHANGED
AT3G02880.1	664,54	7	20889	21667	24685	19352	21223	21657	0,149299096	22414	20744	0,925512	UNCHANGED
AT4G33680.1	784,17	5	21577	21955	21845	21989	19616	18912	0,111346272	21792	20172	0,925672	UNCHANGED
AT4G35260.1	981,11	7	32474	32166	36154	24229	35084	34066	0,279445833	33598	31127	0,926440	UNCHANGED
AT5G14200.2	2117,08	9	21660	36032	26158	37628	20064	20008	0,396197811	27950	25900	0,926662	UNCHANGED
AT1G12840.1	878,36	4	44446	48825	45648	50604	40364	37854	0,242636133	46306	42941	0,927320	UNCHANGED
AT3G17810.1	1130,95	8	49551	41457	49502	37023	46744	46541	0,231705131	46837	43436	0,927393	UNCHANGED
AT5G42980.1	21117,81	12	211900	219301	220603	190852	212412	202645	0,059297627	217268	201970	0,929589	UNCHANGED
AT3G07390.1	5882,26	3	19433	14604	16265	21730	12830	12292	0,378473157	16767	15617	0,931420	UNCHANGED
AT2G05840.2	1018,85	4	18331	16596	20421	19914	15880	15786	0,25748297	18449	17193	0,931927	UNCHANGED
AT2G36530.1	29123,71	30	521513	520126	522895	509727	476906	472941	0,047354804	521511	486525	0,932913	UNCHANGED
ATCG00490.1	2087,25	18	70258	98778	53367	25048	85669	96807	0,429830258	74134	69175	0,933097	UNCHANGED
AT2G47110.1	4459,28	7	133569	60532	104895	84747	110674	83808	0,397641525	99665	93077	0,933893	UNCHANGED
AT3G02530.1	558,75	3	16967	18620	15738	15313	15333	17294	0,175540227	17108	15980	0,934031	UNCHANGED

AT1G78900.1	7988,56	45	181385	195414	187654	177389	181256	168819	0,044039088	188151	175821	0,934471	UNCHANGED
AT3G52960.1	1617,15	7	38937	49950	40070	45949	36149	38483	0,287901795	42986	40194	0,935043	UNCHANGED
AT1G47260.1	3192,21	14	48227	48324	45740	48926	44945	39260	0,196078173	47430	44377	0,935631	UNCHANGED
AT3G45030.1	9748,38	7	125903	105365	109433	83614	118870	116854	0,310923659	113567	106446	0,937297	UNCHANGED
AT3G16420.1	33099,22	22	663453	662521	658528	598528	627462	634579	0,030944034	661500	620190	0,937551	UNCHANGED
AT5G20920.2	2204,39	7	21040	13606	15338	11003	18285	17584	0,382028056	16661	15624	0,937733	UNCHANGED
AT3G22200.1	5491,54	22	85744	73357	82400	54907	91728	79896	0,349358942	80500	75510	0,938011	UNCHANGED
AT2G17130.2	638,46	5	19236	14038	22615	14527	20475	17425	0,362428178	18630	17476	0,938057	UNCHANGED
AT1G54000.1	16932,55	18	386861	391412	416434	371102	395395	357145	0,089806588	398236	374547	0,940516	UNCHANGED
AT1G02500.1	10638,55	25	88772	100415	97727	82397	91768	95799	0,173837471	95638	89988	0,940919	UNCHANGED
AT1G20950.1	505,04	5	24954	29801	24923	24293	22434	28341	0,276952326	26559	25022	0,942130	UNCHANGED
AT4G34450.1	514,82	5	25249	24055	20712	21445	21757	22870	0,219637429	23339	22024	0,943661	UNCHANGED
AT1G66280.1	10185,25	38	245184	144310	182665	139016	211023	190329	0,393252892	190720	180123	0,944436	UNCHANGED
AT2G20420.1	2158,42	15	61943	63478	56261	73982	44689	52948	0,370681964	60560	57206	0,944614	UNCHANGED
AT2G01530.1	24150,34	14	233156	220642	248854	208274	227758	228417	0,147312413	234218	221483	0,945630	UNCHANGED
AT5G05010.1	359,36	2	18104	20125	20623	14536	20476	20640	0,329557918	19617	18551	0,945634	UNCHANGED
AT1G70850.1	4201,73	17	220236	253141	217708	222215	199867	231566	0,223928742	230362	217882	0,945826	UNCHANGED
AT5G26280.1	10156,26	21	212621	211476	238317	158448	248159	220537	0,354110962	220805	209048	0,946754	UNCHANGED
AT3G19390.1	3745,06	5	49531	53528	51959	49661	52207	44925	0,169510804	51673	48931	0,946940	UNCHANGED
AT3G11830.1	895,10	9	23906	31974	24350	26912	23079	26008	0,329416544	26743	25333	0,947264	UNCHANGED
AT3G10740.1	1584,62	13	54469	55391	61561	52168	59962	50274	0,233164625	57140	54135	0,947402	UNCHANGED
AT4G34110.1	552,15	9	17783	23404	23324	20631	22148	18446	0,321608454	21504	20408	0,949051	UNCHANGED
AT2G30930.1	3730,61	3	27832	26859	18833	26920	19095	23925	0,380316532	24508	23313	0,951254	UNCHANGED
AT5G20080.1	2006,99	8	64933	68117	68796	77378	59932	55067	0,344477733	67282	64126	0,953083	UNCHANGED
AT1G16470.1	1405,17	7	49024	53914	52512	56062	45379	46873	0,282272666	51817	49438	0,954099	UNCHANGED
AT2G05990.1	1058,93	6	28998	29930	28461	26540	27897	28950	0,096529933	29130	27796	0,954209	UNCHANGED
AT3G17240.1	2841,01	11	61290	65279	69332	38385	75082	73562	0,414891435	65301	62343	0,954711	UNCHANGED
AT3G09260.1	21920,75	37	797121	618741	641663	575354	709546	682929	0,345443302	685842	655943	0,956406	UNCHANGED
AT2G21170.2	1681,42	9	49238	48210	48588	52473	44439	42987	0,28012272	48679	46633	0,957972	UNCHANGED
AT2G47510.1	1291,72	13	92554	93847	92706	81649	92297	93460	0,204237818	93036	89135	0,958075	UNCHANGED
AT1G08200.1	968,11	4	16347	13005	14554	18524	11515	12079	0,412351959	14635	14039	0,959254	UNCHANGED
AT1G43170.1	2683,51	19	52060	36632	35572	41086	33737	44471	0,402666952	41421	39765	0,960007	UNCHANGED

AT5G41670.1	1589,74	19	35386	36656	35369	41170	30215	31869	0,362340562	35804	34418	0,961291	UNCHANGED
AT3G48990.1	3996,30	20	80819	85543	98095	72327	100245	82108	0,377970898	88153	84893	0,963029	UNCHANGED
AT2G22230.1	1333,26	4	33570	26159	35509	38062	27014	26778	0,411214563	31746	30618	0,964468	UNCHANGED
AT4G20360.1	451,38	3	4406	4706	4396	3272	4352	5412	0,412239485	4503	4346	0,965159	UNCHANGED
AT3G03250.1	3838,43	20	55345	56737	57122	60823	48984	53629	0,317209568	56401	54479	0,965917	UNCHANGED
AT5G17770.1	3085,76	9	53049	45880	49354	35722	52920	54714	0,408679739	49428	47786	0,966780	UNCHANGED
AT1G76030.1	8429,56	32	221749	211856	185814	208103	199115	192245	0,306079309	206473	199821	0,967783	UNCHANGED
AT5G42790.1	1138,61	6	22782	23247	21761	26143	19499	20173	0,393455591	22597	21938	0,970863	UNCHANGED
AT5G48480.1	1776,09	3	26975	28656	27807	27193	25111	28754	0,27329065	27813	27019	0,971472	UNCHANGED
AT3G47520.1	8542,97	26	206485	217587	201711	204966	203766	199565	0,170997691	208594	202765	0,972056	UNCHANGED
AT1G53850.1	832,36	2	15102	14873	13722	16400	12292	13791	0,387638811	14566	14161	0,972206	UNCHANGED
AT3G15020.2	10229,63	14	19522	21767	20298	20264	19714	20002	0,252105553	20529	19993	0,973909	UNCHANGED
AT2G16600.1	11738,19	8	273203	229615	245353	261450	233165	234687	0,355630617	249391	243101	0,974780	UNCHANGED
AT3G24170.1	673,21	7	55055	58357	50819	39121	63699	57387	0,437694203	54744	53402	0,975502	UNCHANGED
AT1G53240.1	23328,68	22	248077	283206	261925	267252	249048	258633	0,316409518	264403	258311	0,976960	UNCHANGED
AT2G37190.1	12468,98	13	165733	152455	154376	122074	163448	177376	0,433160866	157521	154299	0,979544	UNCHANGED
AT3G09440.1	13411,69	38	78458	75629	75485	64709	80105	80222	0,399267976	76524	75012	0,980240	UNCHANGED
AT3G14310.1	1279,64	9	86639	99692	85179	68667	98735	98840	0,442228591	90504	88748	0,980596	UNCHANGED
AT5G27470.1	290,97	2	14456	11467	13541	11596	12494	14626	0,426285299	13155	12905	0,981008	UNCHANGED
AT3G55410.1	373,27	3	16616	13638	13556	9409	17379	16260	0,465745955	14603	14349	0,982629	UNCHANGED
AT1G56330.1	1651,98	6	51243	54880	52140	62233	46701	46605	0,439341045	52755	51846	0,982778	UNCHANGED
AT3G08580.1	6610,30	18	232843	190083	215963	214781	207704	206637	0,40995007	212963	209707	0,984713	UNCHANGED
AT2G31390.1	13448,13	23	289909	256716	263230	286523	255933	255239	0,39666854	269952	265898	0,984985	UNCHANGED
AT1G13060.1	2312,64	7	37209	35905	38342	49742	29701	30351	0,470360343	37152	36598	0,985091	UNCHANGED
AT3G02090.1	1899,25	18	99024	94469	107770	94383	104210	98220	0,387901668	100421	98938	0,985231	UNCHANGED
AT1G54010.1	7899,79	17	124058	125569	129965	125959	131517	116867	0,366544441	126531	124781	0,986169	UNCHANGED
AT5G55070.1	782,33	2	54225	51152	59924	48124	58581	56393	0,433363001	55100	54366	0,986679	UNCHANGED
AT5G62530.1	686,26	9	12253	11119	13404	14026	11790	10512	0,454838942	12259	12110	0,987845	UNCHANGED
AT1G07890.3	33423,33	23	603511	554459	566332	517039	594993	595381	0,431150847	574767	569138	0,990206	UNCHANGED
AT2G27720.1	17798,29	7	69608	78669	78836	77768	71710	75667	0,431817268	75704	75048	0,991336	UNCHANGED
AT3G17820.1	1856,69	11	50700	53408	50249	52218	49167	51892	0,403622488	51452	51092	0,993003	UNCHANGED
AT3G45010.1	661,55	3	3610	3982	4483	2626	5772	3598	0,490156894	4025	3999	0,993430	UNCHANGED

AT2G01140.1	4046,23	13	92588	81543	81609	95571	77873	80741	0,470830656	85247	84728	0,993917	UNCHANGED
AT3G44110.2	604,34	4	48423	35934	45446	37898	48061	43090	0,480341677	43268	43016	0,994191	UNCHANGED
AT2G33150.1	6489,52	21	123505	115422	123516	122464	124800	113543	0,453455187	120814	120269	0,995488	UNCHANGED
AT5G10860.1	3959,79	11	61113	55967	55982	52332	61047	59125	0,478056159	57687	57501	0,996770	UNCHANGED
AT1G16300.1	2495,41	9	8566	8804	8957	9541	9026	7711	0,489206886	8776	8759	0,998081	UNCHANGED
AT1G14810.1	2116,72	11	38923	44390	37698	44186	39140	37583	0,495548621	40337	40303	0,999157	UNCHANGED
AT2G33210.2	1728,95	16	32186	34059	33241	39796	26981	32687	0,499308807	33162	33155	0,999780	UNCHANGED
AT2G07698.1	8050,32	28	290059	257293	249671	292272	250713	254122	0,499425298	265674	265702	1,000105	UNCHANGED
AT4G37070.4	1072,74	6	46954	48713	47733	40321	52021	51297	0,492627048	47800	47880	1,001660	UNCHANGED
AT4G11010.1	3257,69	8	112030	121759	123449	137842	107942	112184	0,491170928	119079	119322	1,002043	UNCHANGED
AT3G01280.1	7930,18	17	254335	244890	230740	244772	248188	238704	0,472191238	243322	243888	1,002328	UNCHANGED
AT1G74030.1	1363,46	9	37175	45581	38140	40709	42968	37584	0,485430995	40299	40420	1,003014	UNCHANGED
AT3G04120.1	33062,03	31	719973	533152	630375	492700	729061	668647	0,490351482	627834	630136	1,003667	UNCHANGED
AT5G07440.1	13147,61	25	235938	208396	216643	163678	285325	214987	0,490082385	220326	221330	1,004558	UNCHANGED
AT5G20720.1	4329,71	16	61191	67791	67749	69848	62766	65165	0,456796221	65577	65926	1,005325	UNCHANGED
AT1G58380.1	14553,06	15	231709	144591	172624	157875	206667	187653	0,486303038	182975	184065	1,005959	UNCHANGED
AT3G02360.2	2473,77	16	48846	52607	50491	49363	51739	51872	0,406992091	50648	50991	1,006782	UNCHANGED
AT5G15090.1	8593,08	14	211176	231463	203902	238161	205459	207535	0,457252853	215514	217052	1,007137	UNCHANGED
AT1G79340.1	1712,66	9	70692	60602	67549	72819	65345	62347	0,451786501	66281	66837	1,008391	UNCHANGED
AT1G17880.1	2892,27	6	31625	32985	34009	33582	33206	32691	0,363889344	32873	33159	1,008711	UNCHANGED
AT3G52560.1	1554,24	3	30525	25714	37636	33671	34634	26463	0,474285059	31292	31589	1,009518	UNCHANGED
AT3G12580.1	11947,09	35	64676	60081	56803	63231	59818	60266	0,416099017	60520	61105	1,009671	UNCHANGED
AT1G31180.1	462,65	3	2699	4630	3567	4742	3097	3230	0,471958414	3632	3690	1,015837	UNCHANGED
AT5G43940.1	2911,05	12	74494	72358	83456	101057	69093	63840	0,463668854	76769	77997	1,015989	UNCHANGED
AT1G80460.2	765,17	7	33299	32583	32029	30166	31970	37577	0,407154287	32637	33238	1,018401	UNCHANGED
AT4G39730.1	6561,54	4	77749	88380	87409	92520	84124	81563	0,379613055	84513	86069	1,018407	UNCHANGED
AT1G07920.1	16121,77	28	660810	678764	488685	517657	670901	675342	0,444468053	609420	621300	1,019494	UNCHANGED
AT1G27130.1	1144,81	3	29757	36151	29869	39882	27352	30427	0,44660809	31926	32554	1,019685	UNCHANGED
AT4G23670.1	14653,79	14	218150	195682	204693	206874	246627	178495	0,422965727	206175	210666	1,021781	UNCHANGED
AT3G52930.1	30517,35	28	523420	494361	489143	570610	474538	496038	0,370610367	502308	513729	1,022737	UNCHANGED
AT3G06050.1	2260,77	7	46792	46800	49886	45236	50828	50789	0,315892288	47826	48951	1,023516	UNCHANGED
AT3G51260.1	2564,92	9	44814	35362	43710	43093	43773	39975	0,390735517	41295	42281	1,023855	UNCHANGED

AT2G44060.1	2640,41	9	94699	92174	86811	83156	97379	99926	0,360528268	91228	93487	1,024760	UNCHANGED
AT1G72370.1	15837,83	14	138660	163353	152207	172301	139350	155038	0,372859939	151407	155563	1,027452	UNCHANGED
AT1G18270.1	262,31	3	19148	19171	17119	14713	21096	21239	0,415402203	18479	19016	1,029053	UNCHANGED
AT4G39980.1	443,95	4	20888	19374	19155	16319	22849	22008	0,4026975	19806	20392	1,029599	UNCHANGED
AT1G19570.1	10322,23	18	118536	105228	109283	168282	82844	92059	0,456293382	111016	114395	1,030439	UNCHANGED
AT5G51830.1	717,97	2	8992	10425	9468	10156	9376	10246	0,295575247	9628	9926	1,030922	UNCHANGED
AT1G74020.1	2273,60	6	22628	23191	20240	24894	21998	21262	0,325962931	22020	22718	1,031724	UNCHANGED
AT5G63680.1	608,13	5	16772	19122	17330	20944	17584	16385	0,369261102	17741	18304	1,031734	UNCHANGED
AT2G17420.1	3664,54	13	85177	86877	92653	112252	77251	84312	0,402610979	88235	91272	1,034410	UNCHANGED
AT3G04400.2	28055,41	9	218624	201599	239594	184799	251756	246233	0,385863184	219939	227596	1,034813	UNCHANGED
AT4G24830.2	1204,34	3	42634	47584	35998	44925	44283	41600	0,349627284	42072	43603	1,036377	UNCHANGED
AT4G20260.1	10977,16	10	177571	172190	179141	130018	202748	215441	0,415860466	176301	182736	1,036501	UNCHANGED
AT5G15650.1	13142,62	26	120718	124677	125600	150390	120696	113639	0,362408583	123665	128241	1,037010	UNCHANGED
AT2G32060.1	5276,33	6	29732	32749	29676	43141	25158	27477	0,42596748	30719	31925	1,039261	UNCHANGED
AT5G11520.1	854,10	7	28651	25931	26438	31889	27402	24916	0,33335458	27007	28069	1,039352	UNCHANGED
AT5G51970.1	954,48	3	20212	21556	20217	19945	22558	21968	0,212979665	20662	21490	1,040112	UNCHANGED
AT4G17530.1	2167,79	6	24286	28311	21465	39107	17843	20162	0,448182235	24687	25704	1,041191	UNCHANGED
AT1G66200.1	8127,56	19	91349	100376	109734	102830	104555	106571	0,258442761	100487	104652	1,041453	UNCHANGED
AT5G61780.1	484,36	13	20986	26791	19471	17601	26392	26141	0,402988994	22416	23378	1,042905	UNCHANGED
AT1G79750.1	1973,72	3	7323	6689	7935	9414	6316	7169	0,386412842	7316	7633	1,043402	UNCHANGED
AT5G28540.1	10505,99	34	144398	123606	123496	109085	153043	147279	0,362640472	130500	136469	1,045742	UNCHANGED
AT2G24200.1	4348,49	25	93889	104355	90606	98012	102855	101706	0,194198531	96283	100858	1,047511	UNCHANGED
AT5G08670.1	27278,97	38	456885	485074	467494	565101	468136	444992	0,299997004	469818	492743	1,048796	UNCHANGED
AT2G23350.1	330,44	3	17365	16832	15602	16488	17673	18103	0,156310454	16600	17421	1,049492	UNCHANGED
AT2G38390.1	5155,76	10	47750	39752	58017	59943	46863	46060	0,371223531	48506	50956	1,050496	UNCHANGED
AT3G25530.2	867,94	2	17013	23078	19362	27082	16903	18474	0,399708892	19818	20819	1,050544	UNCHANGED
AT1G51980.1	4242,37	24	117112	115186	125477	133244	128816	114384	0,203592362	119259	125481	1,052180	UNCHANGED
AT3G06720.1	821,62	5	13431	13466	13991	15854	11806	15364	0,317018627	13629	14341	1,052254	UNCHANGED
AT3G62120.1	469,55	5	18629	11886	12752	9548	19541	16443	0,423305424	14422	15177	1,052334	UNCHANGED
AT3G51800.3	928,15	3	44716	35814	44317	31768	49843	50388	0,37457625	41616	44000	1,057286	UNCHANGED
AT1G23310.2	768,80	2	10388	12379	11100	11795	11599	12422	0,193832658	11289	11939	1,057549	UNCHANGED
AT2G42790.1	547,97	3	18447	17402	16991	16166	19029	20703	0,26437608	17613	18633	1,057887	UNCHANGED

AT1G64190.1	2362,35	19	45223	46847	43906	57567	41686	44811	0,318308799	45325	48021	1,059483	UNCHANGED
AT5G37600.1	3309,28	14	55980	73682	65120	57123	73691	75754	0,320819792	64928	68856	1,060504	UNCHANGED
AT1G70770.1	566,84	4	18895	22550	21665	15636	25691	25607	0,373008829	21037	22311	1,060598	UNCHANGED
AT1G70730.1	801,03	9	7758	8698	8181	7115	9410	9631	0,3005981	8212	8719	1,061704	UNCHANGED
AT2G42740.1	12745,41	9	147396	126328	105483	127884	139485	135819	0,291021053	126402	134396	1,063242	UNCHANGED
AT5G66760.1	1910,11	17	45002	53247	48350	34445	61530	60061	0,379556813	48866	52012	1,064368	UNCHANGED
AT3G52880.1	1829,53	9	34723	43314	31961	37534	36791	42789	0,292475953	36666	39038	1,064696	UNCHANGED
AT5G18380.1	10928,56	7	124575	67274	91032	82152	115230	103953	0,384454398	94294	100445	1,065237	UNCHANGED
AT1G69410.1	945,94	4	41873	39519	43277	33850	51252	47740	0,330953785	41557	44281	1,065554	UNCHANGED
AT5G60360.1	1151,51	3	20520	23223	22663	23360	23722	23753	0,106413256	22135	23612	1,066695	UNCHANGED
AT4G21580.2	336,92	2	9535	9189	9672	9853	10365	10082	0,018543966	9465	10100	1,067070	UNCHANGED
AT5G19990.1	1463,93	7	29113	18106	19778	21200	24699	25638	0,356214563	22332	23845	1,067756	UNCHANGED
AT2G43750.1	2333,80	9	17213	19514	16297	21614	17289	17946	0,243719613	17675	18950	1,072131	UNCHANGED
AT5G03630.1	6163,44	23	103812	106549	106191	125258	103809	110709	0,172523641	105517	113259	1,073365	UNCHANGED
AT4G38680.1	3160,99	2	82037	152586	83446	131767	73360	136324	0,406675807	106023	113817	1,073514	UNCHANGED
AT2G22780.1	1585,73	8	34490	37143	33977	43778	34351	35441	0,236230202	35203	37857	1,075375	UNCHANGED
AT2G21620.1	2689,65	8	21678	28577	33998	37114	26762	26786	0,344387552	28084	30221	1,076081	UNCHANGED
AT4G27270.1	6848,68	7	6121	7172	8054	8758	6637	7599	0,272306037	7116	7665	1,077151	UNCHANGED
AT3G55440.1	16366,71	23	238604	303919	245238	324443	244422	279690	0,275271746	262587	282851	1,077171	UNCHANGED
AT4G35090.1	5061,30	18	129078	102313	108610	84791	142243	139532	0,348057922	113334	122189	1,078133	UNCHANGED
AT1G45145.1	3946,11	7	62283	74746	70928	88255	68545	67556	0,263312612	69319	74785	1,078858	UNCHANGED
AT1G20620.4	4556,66	16	50358	44789	47724	40316	56599	57972	0,279152913	47624	51629	1,084104	UNCHANGED
AT4G01610.1	1443,67	7	21242	19932	25732	22387	26503	23653	0,217296352	22302	24181	1,084242	UNCHANGED
AT1G54270.1	5315,93	25	7264	7866	6687	6552	8038	9074	0,252083017	7272	7888	1,084670	UNCHANGED
AT5G67500.1	3671,92	6	109719	101549	99747	127033	109014	101307	0,186706702	103672	112451	1,084685	UNCHANGED
AT3G04790.1	963,89	2	26935	25404	25146	34480	24503	25223	0,279736299	25828	28068	1,086734	UNCHANGED
AT4G24620.1	815,43	5	27095	33258	30655	37996	28348	32582	0,238855951	30336	32975	1,087006	UNCHANGED
AT1G60710.1	1111,08	5	18429	19586	18304	19114	18265	23934	0,223485577	18773	20438	1,088686	UNCHANGED
AT3G53870.1	5234,49	12	59314	53624	56739	46859	68876	69156	0,283126655	56559	61630	1,089667	UNCHANGED
AT1G78830.1	1524,18	5	36968	39338	32989	37673	42485	39284	0,112498847	36432	39814	1,092847	UNCHANGED
AT1G65980.1	18295,45	14	185170	177621	180340	212177	188545	192919	0,068370881	181044	197880	1,092998	UNCHANGED
AT1G56410.1	12547,53	32	56682	53669	58465	46338	71254	66978	0,283602428	56272	61523	1,093325	UNCHANGED

AT2G30860.1	37685,66	16	340346	292955	322631	421588	326508	297408	0,25909848	318644	348501	1,093701	UNCHANGED
AT5G20290.1	2827,06	8	36597	26136	20654	31044	33445	26760	0,322384281	27796	30416	1,094288	UNCHANGED
AT2G27710.1	15239,26	8	135657	145178	154791	169616	150722	157054	0,075050228	145209	159131	1,095876	UNCHANGED
AT4G14030.1	2160,09	15	57154	64742	65164	80938	61891	63283	0,208835103	62353	68704	1,101853	UNCHANGED
AT2G09990.1	2247,74	4	33702	15938	24610	21593	31944	28520	0,3449589	24750	27352	1,105158	UNCHANGED
AT5G61790.1	1160,32	12	36404	43356	42245	33161	49385	53079	0,271818237	40668	45208	1,111647	UNCHANGED
AT4G11150.1	5574,97	17	97423	93088	99978	112087	106525	104898	0,010400277	96830	107837	1,113675	UNCHANGED
AT2G43910.1	11058,39	9	128464	104943	139668	148847	135371	134168	0,138998223	124358	139462	1,121451	UNCHANGED
AT2G22170.1	11786,51	8	172525	216527	194206	273743	192612	189123	0,24506816	194419	218493	1,123820	UNCHANGED
AT5G17380.1	683,94	4	19335	21360	16708	14991	24734	24952	0,27470043	19134	21559	1,126732	UNCHANGED
AT1G53750.1	861,56	4	17246	23092	22283	19306	24135	27123	0,209049679	20873	23521	1,126860	UNCHANGED
AT5G43330.1	27133,13	19	29385	29703	28752	36796	30954	31313	0,092013558	29280	33021	1,127761	UNCHANGED
AT3G09810.1	551,93	3	7266	7751	7451	10105	7399	7835	0,186030138	7489	8446	1,127779	UNCHANGED
AT3G44310.1	1954,67	5	15704	22386	17042	15038	25533	21619	0,281112857	18378	20730	1,128006	UNCHANGED
AT1G73230.1	2803,26	4	23310	24167	27293	26223	29474	28672	0,055984678	24923	28123	1,128395	UNCHANGED
AT1G03220.1	8900,57	22	246516	260975	225225	282982	267717	277095	0,037952051	244239	275931	1,129760	UNCHANGED
AT5G43060.1	3695,42	10	96161	118983	113816	141197	114178	116539	0,134171554	109653	123972	1,130576	UNCHANGED
AT4G39260.1	40471,31	10	256073	288832	267384	298714	304642	316997	0,021846906	270763	306785	1,133037	UNCHANGED
AT5G17330.1	3184,22	9	52884	59732	44509	50127	60419	67503	0,178669276	52375	59350	1,133171	UNCHANGED
AT4G14880.1	7974,11	16	187750	206724	206874	238444	216019	228723	0,019908577	200450	227729	1,136089	UNCHANGED
AT2G39310.1	1816,19	20	86512	44623	71094	106793	65707	57426	0,331311897	67409	76642	1,136962	UNCHANGED
AT3G20390.1	6800,37	10	58648	68682	66647	75867	74193	70639	0,040930187	64659	73566	1,137753	UNCHANGED
AT5G44340.1	12470,38	28	91833	94452	83216	111423	98013	98115	0,045439914	89834	102517	1,141179	UNCHANGED
AT1G66240.1	1521,87	2	63087	40973	38662	56925	54511	51610	0,238771575	47574	54348	1,142400	UNCHANGED
AT5G19550.1	3919,88	26	89662	93498	77061	119378	93162	84770	0,183046827	86740	99103	1,142530	UNCHANGED
AT3G17940.1	562,68	3	14196	15012	18241	16462	19121	18703	0,104946381	15816	18095	1,144076	UNCHANGED
ATCG00480.1	1327,57	2	5876	7089	6341	7881	6584	7655	0,077369078	6435	7373	1,145766	UNCHANGED
AT2G38380.1	11895,34	15	199715	233111	276155	302230	259157	253315	0,134551589	236327	271567	1,149114	UNCHANGED
AT3G23810.1	8064,85	21	59588	47898	59802	62644	65276	64582	0,080779056	55762	64168	1,150730	UNCHANGED
AT5G03690.2	10729,39	12	91436	94419	90381	107665	101816	108493	0,004418057	92079	105991	1,151093	UNCHANGED
AT4G34200.1	2667,74	18	112359	157153	120376	143136	151835	154302	0,142744823	129963	149757	1,152310	UNCHANGED
AT4G16720.1	2549,76	2	96534	47639	66694	82916	79377	82180	0,256918084	70289	81491	1,159379	UNCHANGED

AT2G04170.3	3706,17	4	4804	4832	4846	5971	5826	5003	0,062112428	4827	5600	1,160030	UNCHANGED
AT3G11130.1	330,01	8	22143	20601	20841	22623	24689	26491	0,038077274	21195	24601	1,160675	UNCHANGED
AT1G77510.1	1277,81	12	24470	27056	27673	35987	29552	26610	0,127669162	26400	30717	1,163523	UNCHANGED
AT3G58990.1	2606,48	4	11332	13182	12782	15512	13932	14072	0,026160934	12432	14505	1,166793	UNCHANGED
AT3G59760.3	1911,88	10	25790	28098	26908	36858	28428	29228	0,11333521	26932	31505	1,169786	UNCHANGED
AT5G59880.2	6200,53	5	38484	42147	39387	62698	40285	37435	0,242515103	40006	46806	1,169981	UNCHANGED
AT1G09640.2	2899,18	7	33095	42445	36304	36978	41876	52192	0,151443621	37281	43682	1,171688	UNCHANGED
AT5G50850.1	3352,15	7	52913	61260	58995	78661	62089	62157	0,103398509	57723	67635	1,171729	UNCHANGED
AT3G56310.2	1653,33	5	45305	45163	57900	63482	57862	52563	0,093604049	49456	57969	1,172121	UNCHANGED
AT5G28020.1	718,13	3	6266	4583	4269	7270	5119	5353	0,198303185	5039	5914	1,173568	UNCHANGED
AT4G31990.1	1727,32	14	28388	30044	27340	45014	28337	27328	0,239109113	28590	33560	1,173816	UNCHANGED
AT4G30190.1	609,39	9	37784	28125	34450	40879	37896	40224	0,075016517	33453	39667	1,185735	UNCHANGED
AT5G13420.1	2036,61	13	73418	95849	71727	107061	84139	95444	0,106057939	80331	95548	1,189424	UNCHANGED
AT1G50480.1	847,40	11	33438	33344	34174	39934	40876	39292	0,000464096	33652	40034	1,189662	UNCHANGED
AT5G20250.1	826,65	7	16012	16722	19968	14729	23615	24537	0,198397696	17567	20960	1,193165	UNCHANGED
AT1G02335.1	1901,99	3	112991	111449	128119	185445	120008	115822	0,208939177	117519	140425	1,194907	UNCHANGED
AT3G02230.1	17544,51	25	152550	153289	165541	218801	183432	161153	0,102061585	157127	187795	1,195184	UNCHANGED
AT5G19440.1	1244,91	5	15653	13230	18357	28244	13359	14928	0,293011067	15747	18844	1,196661	UNCHANGED
AT1G11910.1	7703,60	25	122391	122184	138449	151943	168676	138774	0,039569632	127675	153131	1,199387	UNCHANGED
AT1G16890.2	2367,99	6	12055	10656	13540	16036	13890	13663	0,047974861	12084	14530	1,202446	UNCHANGED
AT4G35630.1	4875,62	22	88566	175774	172789	131080	197466	197178	0,23110981	145710	175241	1,202673	UNCHANGED
AT5G03290.1	1472,73	9	32056	36220	36349	52867	35541	37438	0,162712892	34875	41949	1,202821	UNCHANGED
AT2G18960.1	547,10	8	19998	12463	15582	19446	18466	19908	0,136254097	16014	19273	1,203515	UNCHANGED
AT5G42020.1	9797,74	33	89477	78168	78065	81267	111543	104194	0,09645609	81903	99001	1,208756	UNCHANGED
AT5G38480.1	3450,09	12	24759	24937	22668	50572	19932	17226	0,339742379	24121	29243	1,212334	UNCHANGED
AT1G47128.1	3637,90	11	100600	117835	140221	177999	136790	122805	0,134803305	119552	145864	1,220089	UNCHANGED
AT1G27970.1	3067,80	4	39513	48751	48732	64861	49295	53731	0,074129669	45665	55962	1,225491	UNCHANGED
AT1G18210.1	1474,14	4	37952	36960	33748	38610	46544	48850	0,048556667	36220	44668	1,233256	UNCHANGED
AT3G57490.1	10433,98	13	9081	13545	6097	11222	11681	12526	0,205368127	9575	11810	1,233440	UNCHANGED
AT3G17020.1	3054,50	5	25549	32205	24415	47258	26203	27917	0,224690351	27390	33792	1,233761	UNCHANGED
AT3G02080.1	11018,57	11	82842	52906	67614	64971	93638	93911	0,137058721	67787	84174	1,241736	UNCHANGED
AT3G14990.1	10944,89	23	161975	147189	133680	190907	172864	186318	0,013909904	147615	183363	1,242172	UNCHANGED

AT2G36460.1	13715,01	23	34149	39996	30829	54343	36190	40972	0,121412584	34991	43835	1,252732	UNCHANGED
AT3G56240.1	23375,36	11	188622	182150	184114	229897	239207	227503	0,000613177	184962	232202	1,255405	UNCHANGED
AT1G78860.1	5078,27	10	30258	36809	32877	35829	44216	45463	0,043878854	33315	41836	1,255781	UNCHANGED
AT1G23820.2	1503,94	6	25329	27326	24396	35074	29137	32574	0,021551306	25684	32261	1,256102	UNCHANGED
AT1G11580.1	3116,56	18	96425	145761	124637	159987	141157	159706	0,073390718	122274	153617	1,256329	UNCHANGED
AT1G78850.1	8320,82	21	93700	108389	102976	106254	133615	145206	0,067548714	101688	128358	1,262270	UNCHANGED
AT1G48850.1	760,95	4	24585	20034	20067	20717	29629	31501	0,111021197	21562	27282	1,265302	UNCHANGED
AT3G20000.1	673,60	2	4189	6102	5284	9418	6010	4293	0,231425663	5191	6574	1,266245	UNCHANGED
AT3G53990.2	7446,11	4	16603	38600	35549	42856	37204	35200	0,179260838	30250	38420	1,270070	UNCHANGED
AT2G47470.1	1975,69	11	62123	58914	55488	58014	77797	89434	0,107525465	58842	75082	1,275991	UNCHANGED
AT2G30490.1	1191,27	9	33779	33765	35854	39403	42878	49881	0,0415375	34466	44054	1,278180	UNCHANGED
AT2G20580.1	249,29	2	7033	6868	6536	9338	7636	9186	0,031940876	6812	8720	1,280038	UNCHANGED
AT5G65020.1	5258,74	14	47674	39101	36747	74487	46995	36728	0,20774586	41174	52737	1,280837	UNCHANGED
AT3G48000.1	853,58	5	29041	32140	28369	47034	32391	35559	0,095552225	29850	38328	1,284008	UNCHANGED
AT1G78870.3	2367,99	5	6935	5994	7929	10140	8467	8309	0,033652346	6953	8972	1,290392	UNCHANGED
AT4G25900.1	1044,44	5	16581	9535	12172	8477	21193	19742	0,236008697	12763	16470	1,290491	UNCHANGED
AT4G13360.1	376,74	2	8642	10036	9878	12468	12601	12064	0,007162553	9519	12377	1,300305	UNCHANGED
AT4G38220.1	1271,80	7	16120	19781	20928	21199	26514	26182	0,033219557	18943	24632	1,300321	UNCHANGED
AT4G34050.1	14116,94	21	118430	121230	127655	183040	146684	149229	0,039766773	122439	159651	1,303929	UNCHANGED
AT2G36160.1	12609,27	10	104209	76331	83913	83605	131441	130348	0,113200171	88151	115131	1,306069	UNCHANGED
AT5G13430.1	1124,78	2	29651	28228	28337	20506	48787	43329	0,208254239	28739	37541	1,306279	UNCHANGED
AT2G21870.2	1731,61	10	55560	36850	42790	66053	54032	57040	0,056277902	45067	59041	1,310089	UNCHANGED
AT1G54100.1	896,57	9	20283	26727	21103	26385	30089	32786	0,031341363	22704	29753	1,310474	UNCHANGED
AT1G47420.1	1913,40	7	20113	21344	22834	30350	29935	24279	0,029551923	21430	28188	1,315356	UNCHANGED
AT1G13440.2	26534,55	24	92878	87952	89990	92593	131457	133383	0,080219458	90273	119144	1,319819	UNCHANGED
AT1G57720.1	3445,94	17	61560	80336	70518	87941	86005	106728	0,029265422	70804	93558	1,321358	UNCHANGED
AT5G44070.1	986,29	2	28872	22805	28374	26228	41793	37950	0,098999279	26684	35323	1,323789	UNCHANGED
AT1G14980.1	10542,94	4	52475	44994	53057	75549	65989	58443	0,029739201	50175	66660	1,328553	UNCHANGED
AT5G40770.1	2786,54	11	18535	21096	19142	45977	16271	15962	0,291119234	19591	26070	1,330728	UNCHANGED
AT1G35720.1	13427,62	24	117579	147202	130959	215422	164146	148501	0,074145749	131913	176023	1,334383	UNCHANGED
AT1G75780.1	10986,58	24	30851	32921	31927	44346	41776	41720	0,0004694	31900	42614	1,335888	UNCHANGED
AT5G47030.1	5191,30	7	58247	63637	58765	75192	77880	88472	0,012082649	60216	80514	1,337084	UNCHANGED

AT2G37970.1	2798,38	7	15976	16599	17908	27155	19910	21212	0,054569428	16828	22759	1,352466	UNCHANGED
AT4G22670.1	1980,62	8	25140	29042	32308	30565	46776	40386	0,072433726	28830	39242	1,361153	UNCHANGED
AT5G40370.1	4325,40	4	33367	35959	38943	52081	47687	48140	0,001839356	36090	49303	1,366111	UNCHANGED
AT5G59290.1	1983,04	11	15565	13973	14054	20144	17933	21630	0,011119738	14531	19902	1,369691	UNCHANGED
AT5G54500.1	12312,32	12	154851	144726	170240	235056	203676	206400	0,005745834	156606	215044	1,373158	UNCHANGED
AT3G46440.1	2060,15	11	14539	13005	13080	18834	16768	20224	0,010642728	13541	18609	1,374212	UNCHANGED
AT1G01050.1	1530,46	3	14009	12341	14365	27739	15643	12633	0,19220364	13572	18672	1,375763	UNCHANGED
AT2G47130.1	470,47	2	3436	6677	5189	5623	7137	8308	0,095900552	5100	7023	1,376886	UNCHANGED
AT4G27450.1	735,68	2	6703	9953	5929	10982	8175	12257	0,081557872	7528	10471	1,390901	UNCHANGED
AT1G14320.2	5194,91	5	18332	5222	21283	14319	41773	6420	0,326948358	14946	20837	1,394181	UNCHANGED
AT5G58070.1	1165,22	3	6499	8023	10382	12116	11912	10745	0,043034341	8301	11591	1,396290	UNCHANGED
AT1G17290.1	2023,94	13	28633	33487	28067	41530	40267	44242	0,003316944	30063	42013	1,397521	UNCHANGED
AT4G39090.1	1053,48	3	19844	21531	18326	20975	34224	30320	0,076977887	19900	28506	1,432455	UNCHANGED
AT4G20860.1	406,14	2	11441	11883	12043	14253	19314	17188	0,035438768	11789	16918	1,435121	UNCHANGED
AT4G16143.1	607,16	4	8791	12902	11052	15130	14954	17106	0,017691	10915	15730	1,441101	UNCHANGED
AT4G16760.2	675,78	4	13775	12076	13671	11911	24503	20822	0,126759867	13174	19079	1,448157	UNCHANGED
AT5G54160.1	9443,19	24	113636	121418	124614	202327	165580	152949	0,031089276	119889	173619	1,448157	UNCHANGED
AT2G43610.1	4815,67	9	61166	65572	50748	81052	87305	88682	0,006185799	59162	85679	1,448218	UNCHANGED
AT5G11670.1	17593,68	36	241512	213131	239492	339053	329694	338828	0,001982477	231378	335858	1,451555	UNCHANGED
AT4G32470.1	4553,51	4	18488	20456	24567	50460	26321	15940	0,221179236	21170	30907	1,459908	UNCHANGED
AT5G14780.1	1215,65	8	5854	7559	6637	8333	8913	12317	0,055561496	6683	9854	1,474488	UNCHANGED
AT1G30230.1	3428,29	10	30027	45699	34094	42004	56804	64170	0,049418408	36607	54326	1,484050	UNCHANGED
AT3G54640.1	2454,08	6	53743	67310	46804	96171	69998	84152	0,024738115	55952	83440	1,491273	UNCHANGED
AT4G34180.1	2424,34	7	43573	56025	51957	74712	75870	76212	0,009708837	50518	75598	1,496445	UNCHANGED
AT5G13450.1	2096,36	6	29903	56236	65909	90640	72749	68844	0,058030502	50683	77411	1,527361	UNCHANGED
AT4G31700.1	6016,74	7	45104	27234	24113	46367	37310	63686	0,085590548	32150	49121	1,527866	UNCHANGED
AT5G23740.1	12605,62	10	57094	18178	75892	56599	93104	81641	0,133308971	50388	77115	1,530413	UNCHANGED
AT2G47730.1	17041,95	17	115510	113659	114542	241782	151665	137635	0,097838976	114570	177028	1,545146	UNCHANGED
AT2G20140.1	898,84	3	20775	19026	18118	22330	29349	37972	0,070295839	19306	29883	1,547875	UNCHANGED
AT3G05560.1	2501,63	2	45363	26407	23685	47832	51703	48824	0,05936829	31818	49453	1,554233	UNCHANGED
AT1G30730.1	331,16	2	4841	6962	5151	5533	9511	11714	0,102560175	5651	8919	1,578271	UNCHANGED
AT2G19730.1	11205,44	5	114660	55793	71558	92026	158103	132354	0,07369387	80670	127494	1,580437	UNCHANGED

AT4G09000.1	5184,90	14	25447	25180	26435	71876	29391	20762	0,221430013	25687	40676	1,583527	UNCHANGED
AT3G61440.1	892,30	2	49733	47118	47446	101303	64181	63416	0,076100323	48099	76300	1,586319	UNCHANGED
AT5G52840.1	3629,27	5	13931	14797	14386	29047	19573	20460	0,051147074	14372	23027	1,602254	UNCHANGED
AT1G05240.1	1603,06	5	19284	23409	21783	48823	25280	29883	0,103224678	21492	34662	1,612785	UNCHANGED
AT5G53560.1	5786,60	4	19620	19588	21406	43866	27383	27150	0,074539782	20205	32800	1,623367	UNCHANGED
AT2G30870.1	8092,98	11	75169	63722	60478	169978	76338	82285	0,144830079	66456	109534	1,648200	UNCHANGED
AT4G19880.1	538,76	3	25052	26716	26964	32239	42637	55695	0,062338991	26244	43523	1,658397	UNCHANGED
AT4G34230.1	1660,46	7	22324	22696	16185	58470	22034	25345	0,164218236	20402	35283	1,729405	UNCHANGED
AT4G36130.1	3550,96	7	3051	2099	1969	1520	6759	5229	0,151440626	2373	4503	1,897594	UNCHANGED
AT4G29410.1	2433,96	3	16662	6891	11097	11904	28655	26211	0,083457648	11550	22257	1,926956	UNCHANGED
AT5G66170.1	2664,22	6	20678	15853	18396	47171	25158	33771	0,055373756	18309	35366	1,931666	UNCHANGED
AT5G56030.1	4875,91	36	152984	41995	60828	147247	170487	187219	0,062559696	85269	168317	1,973961	UNCHANGED
AT1G12310.1	2194,99	2	11484	11817	11859	34160	20512	17380	0,069780815	11720	24017	2,049334	UNCHANGED
AT2G19590.1	1729,09	3	9697	17362	10944	9690	29941	39408	0,127735869	12668	26347	2,079827	UNCHANGED
AT1G22300.1	1951,00	9	11690	7034	9068	27819	18178	14220	0,051980147	9264	20072	2,166719	UNCHANGED
AT1G77120.1	2664,28	14	28725	50412	16070	26094	79118	103499	0,117463284	31736	69570	2,192181	UNCHANGED
AT5G16050.1	3900,87	11	10167	9709	10761	43823	13836	10040	0,183511199	10212	22567	2,209721	UNCHANGED
AT3G02520.1	4303,54	10	7746	8879	9008	36236	12084	8665	0,1757842	8544	18995	2,223116	UNCHANGED
AT1G31812.1	6328,37	5	23772	21238	21038	91345	37064	29443	0,128394643	22016	52617	2,389959	UNCHANGED
AT3G25520.1	5348,18	9	40542	21048	26881	34770	104785	90443	0,075094838	29490	76666	2,599699	UNCHANGED
AT1G09590.1	4537,77	5	29606	13984	16856	25616	85399	56003	0,084279355	20148	55673	2,763151	UNCHANGED
AT5G27850.1	5581,84	8	56772	21052	36102	45853	139627	132744	0,070943928	37976	106074	2,793230	UNCHANGED
AT4G18100.1	8961,38	8	36864	15503	24750	28177	109566	84723	0,087837839	25705	74156	2,884819	UNCHANGED
AT2G17360.1	11973,81	18	74700	19050	86895	83680	253882	212746	0,062156313	60215	183436	3,046337	UNCHANGED
AT2G18020.1	5253,68	7	21731	15845	15132	18568	79314	68720	0,089253395	17570	55534	3,160810	UNCHANGED
AT1G66580.1	5567,26	6	11542	7245	15176	14863	64259	38140	0,094169773	11321	39087	3,452626	UNCHANGED
AT3G55280.3	6154,51	4	8303	3209	11645	11177	31508	43009	0,07351645	7719	28565	3,700646	UNCHANGED
AT3G60900.1	1197,87	2	644	-1	2958	-1	-1	-1	0,15649081	1200	-1	-0,000833	-
AT5G41040.2	456,12	2	3392	1792	1618	-1	-1	2845	0,155808293	2267	948	0,417965	-
AT1G30760.1	977,65	7	1092	1374	1361	-1	2440	1955	0,412174409	1276	1465	1,148158	-
AT3G62870.1	2346,70	10	6136	-1	5341	17535	83494	64499	0,059342214	3825	55176	14,424260	-

ANEXO 2: Análise proteômica de plantas tratadas com ABA

accession	max score	reported peptides	Controle1	Controle2	Controle3	aba1	aba2	aba3	teste t	média controle	médica aba	MaxFold	TAG
AT1G54270.1	5315,93	25	7264	7866	6687	11259	9859	11881	0,005320004	7272	11000	1,5126	UP
AT5G60360.1	1151,51	3	20520	23223	22663	27276	37028	37086	0,031139531	22135	33797	1,5268	UP
AT1G16890.2	2367,99	6	12055	10656	13540	21534	20045	14108	0,045004108	12084	18563	1,5362	UP
AT4G39090.1	1053,48	3	19844	21531	18326	25336	33953	32730	0,02255973	19900	30673	1,5413	UP
AT3G23810.1	8064,85	21	59588	47898	59802	88481	81739	88799	0,002674804	55762	86340	1,5483	UP
AT3G56310.2	1653,33	5	45305	45163	57900	78706	66454	85314	0,009670813	49456	76824	1,5534	UP
AT3G14067.1	1025,12	7	31363	33167	34765	51768	48472	54260	0,000916672	33098	51500	1,5560	UP
AT1G20620.4	4556,66	16	50358	44789	47724	80655	63968	78701	0,013986836	47624	74442	1,5631	UP
AT1G13440.2	26534,55	24	92878	87952	89990	140390	149918	134110	0,002299125	90273	141473	1,5672	UP
AT3G26450.1	4849,97	7	42539	36449	37734	68719	52367	66099	0,015833628	38907	62395	1,6037	UP
AT1G23190.1	2581,67	21	48645	48960	47753	75694	76046	87591	0,007300958	48453	79777	1,6465	UP
AT3G56240.1	23375,36	11	188622	182150	184114	278209	302941	351398	0,013569582	184962	310849	1,6806	UP
AT4G34050.1	14116,94	21	118430	121230	127655	218222	190585	211488	0,002722301	122439	206765	1,6887	UP
AT2G42790.1	547,97	3	18447	17402	16991	33960	27615	29136	0,009075822	17613	30237	1,7168	UP
AT1G55060.1	3806,64	7	11099	9943	11251	22075	17810	16152	0,020092465	10764	18679	1,7353	UP
AT3G04720.1	6185,52	5	38653	63755	61148	89102	98017	99683	0,011454127	54519	95601	1,7535	UP
AT3G49120.1	12731,65	20	130617	155212	155119	219948	243470	314112	0,024408911	146983	259177	1,7633	UP
AT4G16760.2	675,78	4	13775	12076	13671	25864	20379	23658	0,007870523	13174	23300	1,7686	UP
AT1G47128.1	3637,90	11	100600	117835	140221	210125	209286	219286	0,005168937	119552	212899	1,7808	UP
AT1G70730.1	801,03	9	7758	8698	8181	12961	14947	16124	0,006994249	8212	14678	1,7873	UP

AT4G23670.1	14653,79	14	218150	195682	204693	414943	358096	338257	0,006839853	206175	370432	1,7967	UP
AT4G11600.1	1663,70	3	24346	19539	21937	45318	44950	29697	0,031933809	21941	39988	1,8226	UP
AT1G54100.1	896,57	9	20283	26727	21103	44365	46302	37793	0,002124165	22704	42820	1,8860	UP
AT3G48000.1	853,58	5	29041	32140	28369	56458	58970	54549	5,36912E-05	29850	56659	1,8981	UP
AT5G48480.1	1776,09	3	26975	28656	27807	53682	65682	41464	0,032779899	27813	53609	1,9275	UP
AT3G12580.1	11947,09	35	64676	60081	56803	127075	110871	114133	0,001236524	60520	117359	1,9392	UP
AT2G37270.1	9128,74	11	92012	89558	92162	216665	173292	158000	0,017377403	91244	182653	2,0018	UP
AT1G78850.1	8320,82	21	93700	108389	102976	214318	210017	191735	0,000302629	101688	205357	2,0195	UP
AT3G12490.1	1384,27	3	18140	27893	18739	53289	46251	31547	0,027751749	21591	43696	2,0238	UP
AT3G46520.1	8849,55	17	88425	103545	101356	237993	174170	182232	0,016047406	97775	198132	2,0264	UP
AT5G62530.1	686,26	9	12253	11119	13404	24607	22738	27196	0,001661952	12259	24847	2,0269	UP
AT1G55020.1	804,20	5	5778	5059	6438	14514	10388	10365	0,020111365	5758	11756	2,0415	UP
AT3G53260.1	515,42	3	13200	15060	13316	31991	33423	28369	0,001530758	13859	31261	2,2557	UP
AT1G62290.1	2596,63	4	2343	2557	2325	4987	5165	6277	0,007242071	2408	5476	2,2739	UP
AT1G58270.1	3068,21	6	40654	42088	47633	100144	98485	118587	0,003026015	43458	105739	2,4331	UP
AT5G58070.1	1165,22	3	6499	8023	10382	17862	25588	20152	0,008004571	8301	21201	2,5539	UP
AT3G01420.1	4949,32	23	31649	32389	34215	111156	90243	78708	0,011537995	32751	93369	2,8509	UP
AT1G74020.1	2273,60	6	22628	23191	20240	66663	58972	86956	0,013406785	22020	70864	3,2182	UP
AT4G01610.1	1443,67	7	21242	19932	25732	51268	68458	102326	0,036441757	22302	74018	3,3188	UP
AT4G34230.1	1660,46	7	22324	22696	16185	71304	64826	73638	8,47085E-05	20402	69922	3,4273	UP
AT2G25450.1	3785,24	9	27397	33898	31882	114279	98611	111789	0,000690002	31059	108226	3,4845	UP
AT3G12500.1	5949,54	9	18839	20782	22262	65152	101817	82474	0,013319574	20628	83148	4,0309	UP
AT5G14780.1	1215,65	8	5854	7559	6637	35804	27448	25444	0,0084135	6683	29565	4,4238	UP
AT4G11650.1	2023,27	5	6228	10703	6954	32921	31549	43836	0,005625138	7961	36102	4,5347	UP
AT1G20440.1	8480,24	13	88245	28029	60835	381622	304414	134861	0,045663767	59036	273632	4,6350	UP
AT5G66170.1	2664,22	6	20678	15853	18396	90622	81674	91030	0,000189925	18309	87775	4,7942	UP
AT3G45010.1	661,55	3	3610	3982	4483	18260	17666	25529	0,01094318	4025	20485	5,0892	UP

AT2G16005.1	8738,79	6	23397	22611	18780	161939	130672	155584	0,002378539	21596	149398	6,9179	UP	
AT4G19810.1	1434,48	6	1948	1920	2029	19195	22110	22374	0,001381178	1966	21226	10,7985	UP	
AT5G41040.2	456,12	2	3392	1792	1618	39897	33617	35340	0,000757569	2267	36284	16,0031	UP	
AT1G18100.1	1635,24	4	1	1	1	3800	2958	5388	0,014807965	1	4049	4048,7778	UP	
AT1G64200.1	2699,18	7	1	1	1	6515	5899	3423	0,015296255	1	5279	5279,0749	UP	
AT5G28510.1	665,02	4	1	1	1	12811	14501	17526	0,004205474	1	14946	14945,9302	UP	
AT2G19900.1	1287,57	2	1	1	1	16035	12951	16715	0,002866078	1	15233	15233,4592	UP	
AT3G53990.1	7427,57	4	1	1	1	18862	19541	17163	0,000727555	1	18522	18521,8333	UP	
AT5G52300.2	465,44	6	1	1	1	45186	42137	30952	0,00591618	1	39425	39424,8889	UP	
AT5G13850.1	11409,92	4	1	1	1	38642	41307	47713	0,001988594	1	42554	42554,0555	UP	
AT5G52310.1	1043,08	9	1	1	1	72976	90691	79234	0,002039463	1	80967	80967,0000	UP	
AT1G52690.1	7111,18	6	1	1	1	191224	223605	146868	0,006909994	1	187232	187232,1111	UP	
AT1G30760.1	977,65	7	1092	1374	1361		1	1	0,002579474	1276	1	0,0008	DOWN	
AT1G02930.1	7065,15	11	3417	3342	2216		1	1	0,008233915	2992	1	0,0003	DOWN	
AT5G20250.1	826,65	7	16012	16722	19968		1	1	0,002385572	17567	1	0,0001	DOWN	
AT3G11940.1	10770,93	11	87313	84984	87455		1	1	1	4,28013E-05	86584	1	0,0000	DOWN
AT3G01290.1	4164,89	9	33642	43569	48729	5548	7764	5094	0,006327008	41980	6135	0,1461	DOWN	
AT2G43100.1	3035,25	5	16944	22140	19741	4012	5108	5941	0,002625278	19608	5020	0,2560	DOWN	
AT1G02920.1	7939,26	15	19288	24862	15705	6446	7128	5667	0,016939079	19952	6414	0,3215	DOWN	
AT3G29250.2	940,20	2	16482	25281	24076	5170	12079	6366	0,008797542	21946	7872	0,3587	DOWN	
AT1G22530.1	4449,08	33	111828	110111	108666	36431	39442	56042	0,003665446	110202	43972	0,3990	DOWN	
AT2G37130.2	805,21	3	21818	24889	23691	8906	10874	8576	0,00016671	23466	9452	0,4028	DOWN	
AT3G58990.1	2606,48	4	11332	13182	12782	4619	5085	6234	0,000365191	12432	5313	0,4274	DOWN	
AT1G66270.1	9813,75	37	188791	136797	162949	65373	61791	82785	0,00700541	162845	69983	0,4298	DOWN	
AT1G62380.1	2022,94	4	6477	9370	12923	4814	5793	1972	0,041045236	9590	4193	0,4372	DOWN	
AT1G79330.1	1048,15	3	8565	7609	8086	3654	2938	4265	0,000549452	8087	3619	0,4475	DOWN	
AT2G19590.1	1729,09	3	9697	17362	10944	3895	6354	7280	0,043189879	12668	5843	0,4613	DOWN	

AT3G06300.1	1121,32	4	29422	30277	31513	11171	14185	18389	0,005955281	30404	14581	0,4796	DOWN
AT5G64120.1	3779,77	10	9530	12660	15799	6409	5022	6818	0,028898434	12663	6083	0,4804	DOWN
AT3G13790.2	765,82	6	31827	30246	32031	12061	14460	20101	0,008801218	31368	15541	0,4954	DOWN
AT2G30930.1	3730,61	3	27832	26859	18833	8696	15280	12591	0,014409577	24508	12189	0,4973	DOWN
AT3G44750.2	2997,36	5	24669	21604	37427	10892	16857	14782	0,045927188	27900	14177	0,5081	DOWN
AT2G43610.1	4815,67	9	61166	65572	50748	31187	30236	31499	0,011386417	59162	30974	0,5235	DOWN
AT1G45145.1	3946,11	7	62283	74746	70928	32690	36436	40443	0,001681572	69319	36523	0,5269	DOWN
AT5G14200.2	2117,08	9	21660	36032	26158	19684	14777	10293	0,035800803	27950	14918	0,5337	DOWN
AT3G54960.1	570,68	2	11161	14093	13511	5172	9939	6180	0,017857167	12921	7097	0,5492	DOWN
AT3G27740.2	652,18	2	16954	17790	18292	11770	9757	7721	0,00691815	17679	9749	0,5515	DOWN
AT3G24503.1	1178,43	13	30759	34140	35204	18708	17134	19437	0,001137511	33367	18426	0,5522	DOWN
AT1G66200.1	8127,56	19	91349	100376	109734	53882	49039	64301	0,001646118	100487	55741	0,5547	DOWN
AT3G08030.1	2145,58	8	10737	12115	12089	6024	7458	6107	0,000707025	11647	6530	0,5606	DOWN
AT4G11290.1	5534,05	13	62762	73468	69766	28416	34467	53631	0,021888819	68665	38838	0,5656	DOWN
AT3G12390.1	10184,86	7	181809	172114	191697	94058	100546	116137	0,000456027	181873	103580	0,5695	DOWN
AT2G25980.1	855,28	2	23373	30339	31379	13713	18534	16735	0,011403636	28364	16327	0,5756	DOWN
AT1G48920.1	1359,21	12	6822	5981	7884	6186	2921	2932	0,049917561	6896	4013	0,5819	DOWN
AT2G31610.1	5306,07	15	84623	76504	80949	52547	43810	46971	0,000356061	80692	47776	0,5921	DOWN
AT3G13460.1	299,16	3	11381	16094	13046	5406	7355	11827	0,046490544	13507	8196	0,6068	DOWN
AT4G26900.1	393,08	2	12269	13833	10786	6536	6560	9339	0,00992103	12296	7478	0,6082	DOWN
AT4G37910.1	1818,08	17	34298	47905	36333	21121	25760	27584	0,028136871	39512	24822	0,6282	DOWN
AT2G21660.1	34944,25	10	128006	145823	143443	76342	78104	108125	0,010319641	139091	87523	0,6293	DOWN
AT5G26320.1	1365,22	3	27036	21126	21689	14264	14339	15420	0,020092347	23284	14674	0,6302	DOWN
AT3G15950.1	4259,48	40	184341	188238	195734	124019	130307	105427	0,002301979	189438	119918	0,6330	DOWN
AT5G35630.1	1365,63	6	49072	50555	51731	25580	29597	41293	0,028477434	50453	32156	0,6374	DOWN
AT4G13430.1	3885,75	16	93136	110533	76784	54264	55032	69644	0,027039784	93484	59647	0,6380	DOWN
AT5G39320.1	1677,87	9	43064	45303	44457	23663	28993	32099	0,008752943	44275	28252	0,6381	DOWN

AT1G56340.2	7031,52	20	115518	109025	104466	61969	67531	81247	0,00405229	109670	70249	0,6406	DOWN
AT5G64100.1	18717,97	19	316494	326602	342684	226730	205385	199531	0,000240745	328593	210549	0,6408	DOWN
AT3G01190.1	4383,66	16	87372	99330	114407	71416	56683	65055	0,012885888	100370	64385	0,6415	DOWN
AT4G39660.1	1476,11	6	29499	27847	26717	16503	16918	20560	0,002473448	28021	17994	0,6422	DOWN
AT2G02010.1	2836,91	5	77183	92828	90411	53855	51837	62036	0,004580446	86807	55909	0,6441	DOWN
AT2G17630.1	3765,05	15	28070	33775	31602	17229	21128	22230	0,004206604	31149	20195	0,6483	DOWN
AT2G37620.1	8400,98	20	20703	28855	23917	14556	16568	16579	0,029536988	24492	15901	0,6492	DOWN
AT3G53230.1	2920,78	28	53433	53464	53293	36332	33962	33972	0,000856743	53397	34755	0,6509	DOWN
AT1G48630.1	2361,34	14	29660	38207	30419	22093	24101	17886	0,015895248	32762	21360	0,6520	DOWN
AT5G52920.1	462,40	3	39230	40410	34232	23866	23575	27752	0,003469301	37957	25064	0,6603	DOWN
AT3G57610.1	1043,47	7	22860	27292	21824	11318	18554	17802	0,025788716	23992	15891	0,6624	DOWN
AT1G80460.2	765,17	7	33299	32583	32029	18180	20629	27643	0,031846174	32637	22151	0,6787	UNCHANGED
AT1G72150.1	2087,37	12	61894	69667	64721	38528	46641	48329	0,00324107	65427	44500	0,6801	UNCHANGED
AT4G08780.1	5349,92	20	6965	8463	8227	4498	6254	5489	0,011660786	7885	5414	0,6866	UNCHANGED
AT1G49760.1	886,50	13	19633	26080	19656	12784	16156	15960	0,033340026	21790	14967	0,6869	UNCHANGED
AT5G04430.2	1470,11	7	20575	27194	24705	12463	17874	19589	0,030258777	24158	16642	0,6889	UNCHANGED
AT5G26280.1	10156,26	21	212621	211476	238317	156558	146585	153387	0,004911703	220805	152177	0,6892	UNCHANGED
AT5G20080.1	2006,99	8	64933	68117	68796	40833	40117	58480	0,034508316	67282	46477	0,6908	UNCHANGED
AT2G19760.1	11898,69	9	202539	182997	211840	118251	132716	164654	0,013681047	199125	138540	0,6957	UNCHANGED
AT3G58510.1	813,03	10	23921	24521	24940	15546	15299	20440	0,022127203	24460	17095	0,6989	UNCHANGED
AT5G44070.1	986,29	2	28872	22805	28374	19536	16434	20207	0,01708239	26684	18725	0,7018	UNCHANGED
AT5G11670.1	17593,68	36	241512	213131	239492	156566	163360	168501	0,004895534	231378	162809	0,7036	UNCHANGED
AT1G68560.1	540,33	5	29377	28288	28049	22625	14777	23091	0,043078635	28571	20165	0,7058	UNCHANGED
AT3G12110.1	9414,96	20	58367	71434	81988	43124	48187	58749	0,037873075	70596	50020	0,7085	UNCHANGED
AT4G26970.1	2526,48	27	94997	98038	95177	60165	60651	84111	0,035092739	96071	68309	0,7110	UNCHANGED
AT3G19450.1	3620,24	11	82205	70543	80327	60441	50817	55855	0,004989315	77692	55704	0,7170	UNCHANGED
AT4G12420.1	460,81	3	21460	18048	17606	12482	14349	14375	0,015328971	19038	13735	0,7215	UNCHANGED

AT3G62830.1	606,81	5	13879	13186	15506	9208	9728	11865	0,011069077	14190	10267	0,7235	UNCHANGED
AT3G23940.2	405,18	3	26327	28644	24850	16306	20186	21428	0,011013734	26607	19307	0,7256	UNCHANGED
AT1G63940.1	4381,92	21	118718	128884	112593	85372	78343	98315	0,006691589	120065	87344	0,7275	UNCHANGED
AT1G49240.1	14376,79	29	376139	329110	352442	246687	262762	264943	0,005283005	352564	258131	0,7322	UNCHANGED
AT1G33590.1	867,83	3	8132	9386	8228	6221	4998	7648	0,038111128	8582	6289	0,7328	UNCHANGED
AT4G02930.1	5856,33	20	114342	104805	105528	70642	79639	88079	0,00654282	108225	79453	0,7341	UNCHANGED
AT1G70310.1	1036,78	5	18122	17556	18867	11297	15404	13356	0,022293233	18182	13352	0,7344	UNCHANGED
AT5G60640.1	1003,49	17	37169	50387	47175	27834	30951	40336	0,048089945	44910	33041	0,7357	UNCHANGED
AT3G08900.1	3186,52	9	6904	6626	7041	4999	4542	5608	0,008626239	6857	5050	0,7364	UNCHANGED
AT4G30170.1	11640,87	23	165527	167989	186957	112201	131277	140284	0,00708202	173491	127921	0,7373	UNCHANGED
AT3G16410.1	8227,60	27	47254	44080	48507	35336	29315	38832	0,015932576	46614	34495	0,7400	UNCHANGED
AT1G21750.1	5213,65	33	91118	109599	105656	66489	89684	70914	0,023125248	102124	75696	0,7412	UNCHANGED
AT3G11400.2	656,66	3	26339	31904	31657	22965	22409	21437	0,022257729	29967	22270	0,7432	UNCHANGED
AT3G22850.1	1040,39	4	41190	43020	43505	25637	31520	38031	0,044357687	42572	31729	0,7453	UNCHANGED
AT5G62690.1	14090,56	31	149129	156859	137529	110259	108116	112942	0,008573863	147839	110439	0,7470	UNCHANGED
AT5G09590.1	1432,02	15	28717	31527	24377	19299	22228	22033	0,029893905	28207	21187	0,7511	UNCHANGED
AT1G20010.1	11826,19	30	32733	37906	36315	28836	27189	24444	0,006140469	35651	26823	0,7524	UNCHANGED
AT5G17330.1	3184,22	9	52884	59732	44509	40735	36307	41230	0,042688442	52375	39424	0,7527	UNCHANGED
AT3G16460.1	16097,20	32	421800	429052	442250	309816	317675	347766	0,001941708	431034	325086	0,7542	UNCHANGED
AT5G43940.1	2911,05	12	74494	72358	83456	53200	68925	52040	0,026943709	76769	58055	0,7562	UNCHANGED
AT3G16420.1	33099,22	22	663453	662521	658528	426750	547996	536563	0,027461202	661500	503770	0,7616	UNCHANGED
AT1G78860.1	5078,27	10	30258	36809	32877	26613	26081	23793	0,018846042	33315	25496	0,7653	UNCHANGED
AT1G30580.1	3457,21	19	76565	64936	62484	55020	52115	49438	0,027009902	67995	52191	0,7676	UNCHANGED
AT5G26260.1	7625,80	21	118634	100746	112444	86003	81216	87715	0,013885278	110608	84978	0,7683	UNCHANGED
AT4G08770.1	23236,51	24	130043	132720	137683	116430	97059	95309	0,017596138	133482	102933	0,7711	UNCHANGED
AT3G13860.1	346,32	2	8048	9374	7897	6025	6472	7032	0,016684468	8440	6510	0,7713	UNCHANGED
AT3G16430.1	10631,91	12	50313	55174	51025	35772	40008	45347	0,015823493	52171	40376	0,7739	UNCHANGED

AT5G66510.1	2314,25	9	31655	36487	34600	23349	28906	27351	0,012407524	34247	26535	0,7748	UNCHANGED
AT2G05840.2	1018,85	4	18331	16596	20421	13777	13122	16047	0,022943507	18449	14315	0,7759	UNCHANGED
AT5G37510.1	1005,51	12	75595	65524	72351	55573	55553	55318	0,016971185	71157	55481	0,7797	UNCHANGED
AT5G12250.1	9653,78	27	20437	21097	17669	14559	17015	14753	0,017199348	19734	15442	0,7825	UNCHANGED
AT5G48230.1	2661,31	7	79292	81083	82847	63571	61721	65080	0,000121069	81074	63457	0,7827	UNCHANGED
AT4G22930.1	990,12	3	22149	27123	24140	20210	18178	19236	0,026132244	24471	19208	0,7849	UNCHANGED
AT3G07770.1	293,26	2	20434	21613	17063	14487	17340	14789	0,036456986	19703	15539	0,7886	UNCHANGED
AT4G31300.1	3161,78	6	29539	32256	31914	21788	24339	27923	0,023964097	31236	24684	0,7902	UNCHANGED
AT1G12000.1	1928,74	19	57590	63697	49349	39646	46639	49416	0,045573783	56879	45234	0,7953	UNCHANGED
AT5G66280.1	382,04	2	28520	30465	31875	25126	25119	22116	0,005785198	30287	24120	0,7964	UNCHANGED
AT1G20630.1	2265,83	6	10924	9112	10212	8143	7339	8617	0,019538252	10083	8033	0,7967	UNCHANGED
AT5G42980.1	21117,81	12	211900	219301	220603	180967	182862	158928	0,010419286	217268	174252	0,8020	UNCHANGED
AT3G13930.1	1438,53	8	61195	56457	64878	48207	46438	52166	0,009999304	60843	48937	0,8043	UNCHANGED
AT5G03630.1	6163,44	23	103812	106549	106191	82470	77524	94764	0,026564833	105517	84919	0,8048	UNCHANGED
AT1G07750.1	2286,73	7	31923	35917	33320	27588	25545	28325	0,006488344	33720	27153	0,8053	UNCHANGED
AT3G16450.1	14675,77	20	265178	244145	289815	194833	215861	233749	0,021144118	266380	214814	0,8064	UNCHANGED
AT5G44340.1	12470,38	28	91833	94452	83216	72587	70353	75944	0,011349817	89834	72961	0,8122	UNCHANGED
AT5G07440.1	13147,61	25	235938	208396	216643	166942	180022	190727	0,009642632	220326	179231	0,8135	UNCHANGED
AT1G54000.1	16932,55	18	386861	391412	416434	328842	300011	352015	0,011278686	398236	326956	0,8210	UNCHANGED
AT1G70850.1	4201,73	17	220236	253141	217708	196438	205431	168362	0,032576878	230362	190077	0,8251	UNCHANGED
AT3G51840.1	492,80	3	23892	21368	25809	17175	21179	20650	0,044460089	23689	19668	0,8302	UNCHANGED
AT2G30970.1	2188,64	15	75940	71352	75578	55066	62947	67240	0,028075241	74290	61751	0,8312	UNCHANGED
AT5G43830.1	2693,14	4	58132	59755	53469	40743	50665	51428	0,045581959	57119	47612	0,8336	UNCHANGED
AT2G36580.1	920,55	3	23202	25954	21714	21142	20173	17829	0,036222938	23623	19715	0,8345	UNCHANGED
AT1G07370.1	1059,77	4	30495	35809	33625	28370	28196	26869	0,029897261	33310	27812	0,8349	UNCHANGED
AT1G24180.1	2352,15	11	49138	49624	51379	41240	40761	44071	0,002368482	50047	42024	0,8397	UNCHANGED
AT3G09200.1	11550,26	13	133526	155781	141884	119513	119958	123108	0,033951742	143730	120860	0,8409	UNCHANGED

AT1G09780.1	3373,29	30	145452	169073	164215	142345	120733	140790	0,033706405	159580	134623	0,8436	UNCHANGED
AT4G33680.1	784,17	5	21577	21955	21845	17106	18057	20278	0,034973997	21792	18480	0,8480	UNCHANGED
AT2G31390.1	13448,13	23	289909	256716	263230	227045	211892	248752	0,025474661	269952	229230	0,8492	UNCHANGED
AT3G63460.2	541,01	8	38289	33943	32329	30331	29934	28729	0,045687469	34854	29665	0,8511	UNCHANGED
AT3G06650.1	1662,02	14	36870	36783	36826	33267	30889	30188	0,014320599	36826	31448	0,8539	UNCHANGED
AT1G04820.1	14146,50	28	213568	226986	209731	195552	175693	186399	0,008359174	216762	185881	0,8575	UNCHANGED
AT4G14880.1	7974,11	16	187750	206724	206874	161731	181031	176348	0,016879729	200450	173037	0,8632	UNCHANGED
AT3G22110.1	1090,92	4	24360	26415	25774	21457	23178	21709	0,007071541	25516	22115	0,8667	UNCHANGED
AT4G35260.1	981,11	7	32474	32166	36154	26432	29290	31639	0,043952595	33598	29120	0,8667	UNCHANGED
AT2G05710.1	5142,17	46	90436	93210	91215	78149	73083	87415	0,048713671	91621	79549	0,8682	UNCHANGED
AT1G09210.1	4031,91	20	53976	56322	59962	44956	49127	53913	0,042619113	56753	49332	0,8692	UNCHANGED
AT1G47260.1	3192,21	14	48227	48324	45740	40875	41893	41068	0,005391602	47430	41279	0,8703	UNCHANGED
AT5G63680.1	608,13	5	16772	19122	17330	14159	16031	16194	0,038785251	17741	15461	0,8715	UNCHANGED
AT5G51830.1	717,97	2	8992	10425	9468	7765	8339	9075	0,047809521	9628	8393	0,8717	UNCHANGED
AT2G01520.1	35285,86	19	587041	548171	629044	467748	520412	554290	0,049017963	588085	514150	0,8743	UNCHANGED
AT5G19770.1	9599,45	24	110956	115981	113248	106418	98145	94750	0,021659811	113395	99771	0,8799	UNCHANGED
AT1G16030.1	7331,78	28	26188	28702	28948	24202	23078	26725	0,040396086	27946	24668	0,8827	UNCHANGED
AT1G04410.1	43285,00	22	578582	629493	613892	519554	527396	591147	0,048761359	607322	546032	0,8991	UNCHANGED
AT1G26630.1	9801,50	13	277869	288302	268971	241204	270250	242944	0,042089187	278381	251466	0,9033	UNCHANGED
AT1G13060.1	2312,64	7	37209	35905	38342	34078	31345	35398	0,038575126	37152	33607	0,9046	UNCHANGED
AT5G54810.1	2095,68	7	33060	31287	29755	33052	35233	34925	0,033628765	31368	34403	1,0968	UNCHANGED
AT5G02500.1	16058,40	44	161403	152956	148554	176933	166242	165343	0,022754941	154304	169506	1,0985	UNCHANGED
AT3G02230.1	17544,51	25	152550	153289	165541	186495	167305	174991	0,028135542	157127	176263	1,1218	UNCHANGED
AT5G49460.1	1323,28	13	33433	33353	33393	40684	35955	37048	0,043846961	33393	37896	1,1348	UNCHANGED
AT4G39730.1	6561,54	4	77749	88380	87409	96462	90370	105061	0,041024061	84513	97298	1,1513	UNCHANGED
AT1G47420.1	1913,40	7	20113	21344	22834	24930	25226	23990	0,01775234	21430	24715	1,1533	UNCHANGED
AT5G66760.1	1910,11	17	45002	53247	48350	60733	53798	55164	0,037364219	48866	56565	1,1575	UNCHANGED

AT3G14990.1	10944,89	23	161975	147189	133680	179471	161792	171711	0,04229677	147615	170991	1,1584	UNCHANGED
AT3G17820.1	1856,69	11	50700	53408	50249	55035	60610	64343	0,036685282	51452	59996	1,1661	UNCHANGED
AT3G09840.1	3780,11	43	63229	63459	67566	81606	72890	74893	0,014280303	64751	76463	1,1809	UNCHANGED
AT1G23820.2	1503,94	6	25329	27326	24396	30679	29274	31085	0,007593727	25684	30346	1,1815	UNCHANGED
AT5G17770.1	3085,76	9	53049	45880	49354	61769	55220	59873	0,014316907	49428	58954	1,1927	UNCHANGED
AT3G16470.1	10615,67	17	274792	265967	247947	341226	303325	299535	0,019578558	262902	314695	1,1970	UNCHANGED
AT3G24170.1	673,21	7	55055	58357	50819	66806	62047	67934	0,009894418	54744	65595	1,1982	UNCHANGED
AT1G79920.1	2190,39	25	35262	41614	36604	47780	41084	49286	0,032424956	37827	46050	1,2174	UNCHANGED
AT1G08200.1	968,11	4	16347	13005	14554	19123	17975	16381	0,03273116	14635	17826	1,2180	UNCHANGED
AT1G75780.1	10986,58	24	30851	32921	31927	39757	36094	40748	0,012629706	31900	38866	1,2184	UNCHANGED
AT1G73260.1	10981,01	13	235311	245042	217468	272645	270638	315755	0,023490908	232607	286346	1,2310	UNCHANGED
AT3G44110.2	604,34	4	48423	35934	45446	51674	50272	58129	0,049405999	43268	53358	1,2332	UNCHANGED
AT3G02360.2	2473,77	16	48846	52607	50491	65823	59264	63078	0,005023264	50648	62722	1,2384	UNCHANGED
AT4G13360.1	376,74	2	8642	10036	9878	11645	11537	12339	0,008645922	9519	11840	1,2439	UNCHANGED
AT3G15020.2	10229,63	14	19522	21767	20298	23839	24844	28519	0,024650692	20529	25734	1,2535	UNCHANGED
AT4G21580.2	336,92	2	9535	9189	9672	13019	10578	12179	0,035015574	9465	11925	1,2599	UNCHANGED
AT2G36460.1	13715,01	23	34149	39996	30829	39481	44063	50365	0,040987607	34991	44636	1,2756	UNCHANGED
AT3G22200.1	5491,54	22	85744	73357	82400	102095	89474	117951	0,046853901	80500	103173	1,2817	UNCHANGED
AT3G19390.1	3745,06	5	49531	53528	51959	59669	64622	74996	0,037027731	51673	66429	1,2856	UNCHANGED
AT5G40370.1	4325,40	4	33367	35959	38943	45227	48492	46445	0,004349538	36090	46721	1,2946	UNCHANGED
AT5G61780.1	484,36	13	20986	26791	19471	28127	27063	32235	0,038292108	22416	29142	1,3000	UNCHANGED
AT1G78570.1	862,79	11	22494	21931	23685	31331	28378	29392	0,002325914	22703	29701	1,3082	UNCHANGED
AT5G43060.1	3695,42	10	96161	118983	113816	126673	136122	167651	0,046740664	109653	143482	1,3085	UNCHANGED
AT1G69410.1	945,94	4	41873	39519	43277	49705	57152	57888	0,011565154	41557	54915	1,3215	UNCHANGED
AT5G47030.1	5191,30	7	58247	63637	58765	85674	84810	69416	0,026613865	60216	79967	1,3280	UNCHANGED
AT5G03690.2	10729,39	12	91436	94419	90381	117586	120241	129050	0,003666777	92079	122292	1,3281	UNCHANGED
AT1G03220.1	8900,57	22	246516	260975	225225	332056	313797	329481	0,002872679	244239	325112	1,3311	UNCHANGED

AT3G03250.1	3838,43	20	55345	56737	57122	70485	78874	76164	0,006837096	56401	75174	1,3328	UNCHANGED
AT5G03290.1	1472,73	9	32056	36220	36349	53482	45806	41707	0,028259865	34875	46998	1,3476	UNCHANGED
AT1G19570.1	10322,23	18	118536	105228	109283	161110	147980	141853	0,003330814	111016	150314	1,3540	UNCHANGED
AT3G44310.1	1954,67	5	15704	22386	17042	26704	20727	27394	0,044743711	18378	24942	1,3572	UNCHANGED
AT5G53560.1	5786,60	4	19620	19588	21406	28156	28783	26518	0,000576458	20205	27819	1,3769	UNCHANGED
AT2G37970.1	2798,38	7	15976	16599	17908	23521	21424	24826	0,004698889	16828	23257	1,3821	UNCHANGED
AT1G23310.2	768,80	2	10388	12379	11100	14728	16410	16214	0,002395325	11289	15784	1,3982	UNCHANGED
AT3G48990.1	3996,30	20	80819	85543	98095	128503	112624	130067	0,004767769	88153	123732	1,4036	UNCHANGED
AT3G25530.2	867,94	2	17013	23078	19362	30602	29967	23100	0,029408853	19818	27889	1,4073	UNCHANGED
AT2G40010.1	7563,17	8	29080	33927	30900	43659	42645	46109	0,001293324	31302	44138	1,4100	UNCHANGED
AT1G60710.1	1111,08	5	18429	19586	18304	26400	27789	25323	0,000999622	18773	26504	1,4118	UNCHANGED
AT2G21130.1	5100,30	10	1953	2065	2150	2398	3207	3119	0,036669597	2056	2908	1,4143	UNCHANGED
AT4G32470.1	4553,51	4	18488	20456	24567	32155	33565	25008	0,027343685	21170	30243	1,4285	UNCHANGED
AT3G52880.1	1829,53	9	34723	43314	31961	50140	54621	52445	0,015771314	36666	52402	1,4292	UNCHANGED
AT1G11910.1	7703,60	25	122391	122184	138449	172419	162616	212829	0,028578474	127675	182621	1,4304	UNCHANGED
AT1G11840.2	6643,36	16	108346	99135	92609	152903	133647	143725	0,002144861	100030	143425	1,4338	UNCHANGED
AT1G53580.1	2893,41	10	37129	32944	38683	49029	54102	54483	0,001342775	36252	52538	1,4492	UNCHANGED
AT4G16260.1	16623,14	20	118869	149739	134347	179081	183302	223955	0,015022818	134318	195446	1,4551	UNCHANGED
AT2G30860.1	37685,66	16	340346	292955	322631	461320	488176	442647	0,000809532	318644	464048	1,4563	UNCHANGED
AT5G54160.1	9443,19	24	113636	121418	124614	177760	175931	172856	0,000461486	119889	175516	1,4640	UNCHANGED
AT1G62660.1	7307,27	23	177293	157347	200370	258232	222316	305720	0,027121283	178337	262089	1,4696	UNCHANGED
AT2G04170.3	3706,17	4	4804	4832	4846	8094	6957	6318	0,023748907	4827	7123	1,4756	UNCHANGED
AT3G29360.1	1293,74	10	23058	19900	20766	29769	31921	32786	0,000708241	21241	31492	1,4826	UNCHANGED
AT4G01850.1	10526,76	25	132652	154632	153535	113896	127717	137085	0,051487178	146940	126233	0,8591	UNCHANGED
AT2G45710.1	16059,87	5	169470	144751	168369	132896	149739	136433	0,051571366	160863	139689	0,8684	UNCHANGED
AT1G77120.1	2664,28	14	28725	50412	16070	46881	56992	80513	0,051651779	31736	61462	1,9367	UNCHANGED
AT5G54500.1	12312,32	12	154851	144726	170240	137449	110051	142199	0,052335161	156606	129900	0,8295	UNCHANGED

AT5G35360.1	1759,28	13	43807	36606	37760	34559	35156	31111	0,052505166	39391	33609	0,8532	UNCHANGED
AT5G42790.1	1138,61	6	22782	23247	21761	17941	21012	20931	0,052582385	22597	19961	0,8834	UNCHANGED
AT1G07770.1	3536,42	5	80102	115463	89317	128107	108389	131488	0,052905738	94961	122661	1,2917	UNCHANGED
AT4G29840.1	947,57	7	35932	40754	39114	26275	28497	36606	0,052950544	38600	30459	0,7891	UNCHANGED
AT1G20450.2	1912,14	5	3156	1170	1305	53729	22676	20043	0,05348231	1877	32149	17,1309	UNCHANGED
AT3G17810.1	1130,95	8	49551	41457	49502	55176	51012	55035	0,053525524	46837	53741	1,1474	UNCHANGED
AT1G28290.2	3164,29	7	131960	95166	92872	92071	62928	64563	0,053551163	106666	73188	0,6861	UNCHANGED
AT1G02500.1	10638,55	25	88772	100415	97727	123849	123728	173128	0,053720242	95638	140235	1,4663	UNCHANGED
AT4G10480.1	9480,15	8	56111	67179	66287	50184	59784	44842	0,055821814	63192	51603	0,8166	UNCHANGED
AT2G47470.1	1975,69	11	62123	58914	55488	88158	88832	64057	0,055841211	58842	80349	1,3655	UNCHANGED
AT3G53870.1	5234,49	12	59314	53624	56739	71869	59919	64242	0,056104986	56559	65343	1,1553	UNCHANGED
AT2G07698.1	8050,32	28	290059	257293	249671	229621	234781	232527	0,056308398	265674	232310	0,8744	UNCHANGED
AT2G41220.1	248,97	5	19758	16584	17164	16287	11022	14512	0,056463044	17835	13940	0,7816	UNCHANGED
AT3G10740.1	1584,62	13	54469	55391	61561	94286	68673	116200	0,058431972	57140	93053	1,6285	UNCHANGED
AT4G20360.1	451,38	3	4406	4706	4396	3566	4207	4188	0,059062737	4503	3987	0,8854	UNCHANGED
AT3G09820.1	20118,97	23	156229	153835	159057	170157	175377	202985	0,059335638	156373	182839	1,1692	UNCHANGED
AT2G01530.1	24150,34	14	233156	220642	248854	198114	224020	214550	0,059899888	234218	212228	0,9061	UNCHANGED
AT4G34180.1	2424,34	7	43573	56025	51957	56510	57419	66664	0,060102067	50518	60198	1,1916	UNCHANGED
AT5G14040.1	1366,69	6	71146	51054	53697	40854	38713	50489	0,060440804	58633	43352	0,7394	UNCHANGED
AT1G31812.1	6328,37	5	23772	21238	21038	69549	71483	29785	0,061643362	22016	56939	2,5862	UNCHANGED
AT1G34430.1	992,47	2	12515	14886	10679	15539	14770	16566	0,061646748	12693	15625	1,2310	UNCHANGED
AT5G05010.1	359,36	2	18104	20125	20623	17719	17595	17653	0,062713434	19617	17656	0,9000	UNCHANGED
AT3G52930.1	30517,35	28	523420	494361	489143	516175	525360	549091	0,063448062	502308	530209	1,0555	UNCHANGED
AT1G14810.1	2116,72	11	38923	44390	37698	28856	37374	35554	0,064159671	40337	33928	0,8411	UNCHANGED
AT3G32980.1	20884,23	22	658176	623632	730830	755270	711862	768170	0,064173034	670879	745101	1,1106	UNCHANGED
AT1G05260.1	12046,33	21	164079	176956	176648	147872	149853	170018	0,064629015	172561	155915	0,9035	UNCHANGED
AT4G24620.1	815,43	5	27095	33258	30655	24701	25860	27955	0,065169115	30336	26172	0,8627	UNCHANGED

AT4G09000.1	5184,90	14	25447	25180	26435	65855	61959	31076	0,065601614	25687	52963	2,0618	UNCHANGED
AT1G63000.1	2908,13	13	77029	77178	81214	64505	64042	76972	0,066200768	78474	68506	0,8730	UNCHANGED
AT4G20890.1	12206,85	27	29278	30131	26532	25903	25438	27074	0,066463133	28647	26138	0,9124	UNCHANGED
AT3G17390.1	9771,83	24	146484	129983	168287	100870	101908	142155	0,066806754	148251	114978	0,7756	UNCHANGED
AT1G17880.1	2892,27	6	31625	32985	34009	24046	31883	23504	0,067319496	32873	26478	0,8055	UNCHANGED
AT2G42740.1	12745,41	9	147396	126328	105483	160200	155429	147050	0,069118897	126402	154226	1,2201	UNCHANGED
AT2G33210.2	1728,95	16	32186	34059	33241	32098	28458	25263	0,069664133	33162	28606	0,8626	UNCHANGED
AT3G15660.1	1260,93	3	2834	2764	3712	14347	11341	4451	0,069895731	3103	10046	3,2374	UNCHANGED
AT5G59290.1	1983,04	11	15565	13973	14054	27919	25084	15984	0,070186547	14531	22996	1,5826	UNCHANGED
AT3G10920.2	2426,87	2	22175	21256	28129	50896	46134	26231	0,070791032	23853	41087	1,7225	UNCHANGED
AT3G45030.1	9748,38	7	125903	105365	109433	96485	106272	96103	0,071617126	113567	99620	0,8772	UNCHANGED
AT1G56190.2	3940,17	10	16660	13381	12780	10791	12074	11853	0,072169132	14273	11573	0,8108	UNCHANGED
AT4G39980.1	443,95	4	20888	19374	19155	16152	15941	19578	0,073407947	19806	17224	0,8696	UNCHANGED
AT1G65930.1	17795,13	43	380758	358350	347828	352423	333423	336923	0,07380916	362312	340923	0,9410	UNCHANGED
AT1G76030.1	8429,56	32	221749	211856	185814	178026	164247	198553	0,074164375	206473	180276	0,8731	UNCHANGED
AT1G03230.1	6121,68	19	148649	138229	143779	127177	109296	138439	0,074588806	143552	124971	0,8706	UNCHANGED
AT2G20580.1	249,29	2	7033	6868	6536	11461	9332	7472	0,0748939	6812	9422	1,3830	UNCHANGED
AT5G19510.1	12627,47	12	175060	196525	189590	151008	178959	173389	0,075018916	187059	167785	0,8970	UNCHANGED
AT5G41670.1	1589,74	19	35386	36656	35369	33892	27257	32652	0,075360632	35804	31267	0,8733	UNCHANGED
AT4G26110.2	1128,07	4	11474	11969	16230	24550	25568	13859	0,075535814	13224	21326	1,6126	UNCHANGED
AT1G13930.1	10882,80	10	36128	47988	54637	238944	289073	67105	0,075541881	46251	198374	4,2891	UNCHANGED
AT2G30490.1	1191,27	9	33779	33765	35854	65024	46165	41212	0,075988793	34466	50800	1,4739	UNCHANGED
AT3G05560.1	2501,63	2	45363	26407	23685	66287	66796	33666	0,076620357	31818	55583	1,7469	UNCHANGED
AT4G34110.1	552,15	9	17783	23404	23324	24244	24673	27468	0,077902978	21504	25462	1,1841	UNCHANGED
AT2G37870.1	13263,99	4	2949	2047	2534	224961	164680	20493	0,078714758	2510	136711	54,4666	UNCHANGED
AT2G21620.1	2689,65	8	21678	28577	33998	35568	31396	41716	0,078723431	28084	36227	1,2899	UNCHANGED
AT3G16640.1	17506,17	10	203445	206151	205344	166742	164164	202501	0,07931386	204980	177802	0,8674	UNCHANGED

AT3G08590.1	1395,78	23	39925	35154	37099	40961	38464	41797	0,079754633	37393	40407	1,0806	UNCHANGED
AT3G61440.1	892,30	2	49733	47118	47446	59871	48732	61587	0,080425604	48099	56730	1,1794	UNCHANGED
AT1G09640.2	2899,18	7	33095	42445	36304	58657	67595	38884	0,081104384	37281	55046	1,4765	UNCHANGED
AT1G16300.1	2495,41	9	8566	8804	8957	5927	6001	8639	0,081112834	8776	6856	0,7812	UNCHANGED
AT4G27270.1	6848,68	7	6121	7172	8054	4966	5089	6934	0,081301506	7116	5663	0,7958	UNCHANGED
AT1G01620.1	1190,32	3	114043	108906	123337	107858	84207	106483	0,081636751	115429	99516	0,8621	UNCHANGED
AT4G17530.1	2167,79	6	24286	28311	21465	39567	38398	24968	0,082581879	24687	34311	1,3898	UNCHANGED
AT3G46440.1	2060,15	11	14539	13005	13080	23659	21257	14043	0,082639842	13541	19653	1,4513	UNCHANGED
AT1G30730.1	331,16	2	4841	6962	5151	3329	3922	5250	0,082739554	5651	4167	0,7373	UNCHANGED
AT5G16050.1	3900,87	11	10167	9709	10761	32957	29109	11258	0,083402405	10212	24441	2,3933	UNCHANGED
AT4G27450.1	735,68	2	6703	9953	5929	7858	12299	12005	0,084144772	7528	10720	1,4240	UNCHANGED
AT4G15390.1	621,80	4	18643	24790	24755	17996	17044	20677	0,084422407	22729	18572	0,8171	UNCHANGED
AT3G47520.1	8542,97	26	206485	217587	201711	184518	177726	208002	0,085433117	208594	190082	0,9113	UNCHANGED
AT2G47130.1	470,47	2	3436	6677	5189	2698	4505	2157	0,086246713	5100	3120	0,6118	UNCHANGED
AT1G57720.1	3445,94	17	61560	80336	70518	107071	98342	71438	0,086526312	70804	92284	1,3034	UNCHANGED
AT5G20010.1	12987,21	15	171758	160550	162002	161451	155425	141300	0,086912381	164770	152725	0,9269	UNCHANGED
AT2G43910.1	11058,39	9	128464	104943	139668	163714	136395	139601	0,087149663	124358	146570	1,1786	UNCHANGED
AT5G63400.1	2585,43	9	17810	11516	15108	45702	38706	15595	0,087214055	14811	33335	2,2506	UNCHANGED
AT5G08300.1	1533,32	7	67784	66184	62040	53566	51760	65313	0,087372088	65336	56880	0,8706	UNCHANGED
AT2G22780.1	1585,73	8	34490	37143	33977	44008	35537	47531	0,087600071	35203	42359	1,2033	UNCHANGED
AT4G29410.1	2433,96	3	16662	6891	11097	23866	18003	13242	0,089164281	11550	18370	1,5905	UNCHANGED
AT1G79530.1	4218,93	14	138011	127106	142287	100886	99336	136222	0,089595413	135801	112148	0,8258	UNCHANGED
AT5G17920.1	20687,87	55	576279	582760	537519	625637	578149	590435	0,089889737	565519	598074	1,0576	UNCHANGED
AT5G46290.1	1825,07	16	77352	82297	74854	64134	68403	77930	0,089962485	78168	70156	0,8975	UNCHANGED
AT5G14030.1	2426,63	3	73509	52242	61588	53173	52900	45286	0,090460044	62447	50453	0,8079	UNCHANGED
AT2G20360.1	2159,56	13	82900	57651	76115	54537	44919	68140	0,091016961	72222	55865	0,7735	UNCHANGED
AT1G27450.2	5729,65	4	59516	65833	56084	48075	52043	59735	0,09205452	60478	53284	0,8811	UNCHANGED

AT3G59760.3	1911,88	10	25790	28098	26908	23816	26972	23457	0,092140815	26932	24748	0,9189	UNCHANGED
AT5G61170.1	10933,69	9	38338	23893	27368	71081	57003	30406	0,092633688	29866	52830	1,7689	UNCHANGED
AT2G44350.1	2282,58	15	34745	38807	39749	71706	54999	40133	0,093271902	37767	55613	1,4725	UNCHANGED
AT5G19760.1	2319,37	6	31701	38525	36479	31340	31064	32503	0,093308043	35568	31635	0,8894	UNCHANGED
ATCG00480.1	1327,57	2	5876	7089	6341	7227	6633	7667	0,093640258	6435	7175	1,1150	UNCHANGED
AT5G43330.1	27133,13	19	29385	29703	28752	24740	24133	29355	0,094264854	29280	26076	0,8906	UNCHANGED
AT3G54640.1	2454,08	6	53743	67310	46804	40464	6953	48335	0,095028046	55952	31917	0,5704	UNCHANGED
AT3G47800.1	657,04	2	6812	6720	9260	4214	4527	7568	0,095122922	7597	5436	0,7155	UNCHANGED
AT5G20720.1	4329,71	16	61191	67791	67749	40309	53528	63944	0,095264555	65577	52594	0,8020	UNCHANGED
AT3G51260.1	2564,92	9	44814	35362	43710	49425	45016	46338	0,095458248	41295	46926	1,1364	UNCHANGED
AT5G44380.1	366,84	4	60012	56016	55822	45566	34494	56123	0,096401315	57283	45395	0,7925	UNCHANGED
AT1G65970.1	4120,37	8	30455	33926	28038	19000	24617	30365	0,09745029	30806	24661	0,8005	UNCHANGED
AT2G39990.1	1384,26	7	27118	27996	31665	22549	20349	29171	0,099653187	28927	24023	0,8305	UNCHANGED
AT3G44320.1	1521,89	5	16641	17780	18788	14815	12510	17675	0,100209869	17736	15000	0,8457	UNCHANGED
AT2G45290.1	837,89	7	13380	15019	13040	13833	16494	15761	0,100582855	13813	15363	1,1122	UNCHANGED
AT5G04800.1	9499,61	3	67141	44682	46133	145842	98677	55805	0,101844335	52652	100108	1,9013	UNCHANGED
AT1G20620.2	7026,31	18	128053	107356	121120	144606	117733	155172	0,102459787	118843	139170	1,1710	UNCHANGED
AT2G24200.1	4348,49	25	93889	104355	90606	101654	101651	108096	0,10287704	96283	103800	1,0781	UNCHANGED
AT1G66240.1	1521,87	2	63087	40973	38662	56940	55812	78927	0,103151784	47574	63893	1,3430	UNCHANGED
AT5G20950.1	1101,60	11	37264	34213	42718	29615	24770	38138	0,103169325	38065	30841	0,8102	UNCHANGED
AT5G27670.1	2092,07	2	28166	27128	26948	63173	55522	26043	0,103472765	27414	48246	1,7599	UNCHANGED
AT4G25740.1	2929,92	4	28072	33748	32986	111576	102417	27444	0,103809678	31602	80479	2,5466	UNCHANGED
AT2G22170.1	11786,51	8	172525	216527	194206	212086	206278	253992	0,103846999	194419	224119	1,1528	UNCHANGED
AT3G06720.1	821,62	5	13431	13466	13991	26072	20255	13879	0,104320212	13629	20069	1,4725	UNCHANGED
AT2G38540.1	3546,43	2	17424	23404	25778	120625	126315	15920	0,1047061	22202	87620	3,9465	UNCHANGED
AT1G22300.1	1951,00	9	11690	7034	9068	33964	30910	7619	0,106401955	9264	24164	2,6084	UNCHANGED
AT1G07660.1	16271,89	7	24534	12053	14993	140602	61496	28028	0,107640759	17193	76708	4,4615	UNCHANGED

AT3G27380.1	707,19	4	35346	31581	36501	27846	32979	32777	0,109341023	34476	31200	0,9050	UNCHANGED
AT2G21870.2	1731,61	10	55560	36850	42790	75125	54521	48802	0,110282297	45067	59483	1,3199	UNCHANGED
AT1G16470.1	1405,17	7	49024	53914	52512	37434	49147	48903	0,110412629	51817	45162	0,8716	UNCHANGED
AT1G01050.1	1530,46	3	14009	12341	14365	23351	23138	12651	0,110791073	13572	19713	1,4525	UNCHANGED
AT1G12310.1	2194,99	2	11484	11817	11859	21010	25302	10903	0,113527764	11720	19071	1,6273	UNCHANGED
AT5G23250.1	932,88	4	17990	17070	16555	13561	12892	17636	0,113905284	17205	14696	0,8542	UNCHANGED
AT3G58730.1	1192,37	3	7343	7647	6724	15629	11582	7119	0,114049443	7238	11443	1,5810	UNCHANGED
AT5G15490.1	920,78	8	7271	12102	7672	8651	15098	14289	0,114495373	9015	12679	1,4064	UNCHANGED
AT3G53990.2	7446,11	4	16603	38600	35549	18862	19541	17163	0,114729615	30250	18522	0,6123	UNCHANGED
AT4G24190.1	985,94	12	40856	17359	26420	59879	41972	30084	0,114966073	28212	43979	1,5589	UNCHANGED
AT5G59090.1	3227,16	18	190954	197692	219367	154441	135385	208538	0,115855235	202671	166122	0,8197	UNCHANGED
AT5G08530.1	1012,19	5	31259	32044	33169	32916	25673	26347	0,117082789	32157	28312	0,8804	UNCHANGED
AT3G05530.1	1219,31	11	37615	49250	47372	38041	38864	39189	0,117386731	44746	38698	0,8648	UNCHANGED
AT5G35590.1	1591,06	8	39679	35986	34849	31694	33335	36766	0,118162248	36838	33932	0,9211	UNCHANGED
AT3G02520.1	4303,54	10	7746	8879	9008	17762	18884	7300	0,119408492	8544	14649	1,7144	UNCHANGED
AT1G04270.1	11383,11	7	113172	47955	79955	194338	112296	91614	0,120118771	80361	132749	1,6519	UNCHANGED
AT5G34850.1	1571,55	6	40767	36585	41094	44304	43023	63346	0,120273859	39482	50224	1,2721	UNCHANGED
AT2G17130.2	638,46	5	19236	14038	22615	13423	12541	17438	0,120449698	18630	14467	0,7766	UNCHANGED
AT2G36160.1	12609,27	10	104209	76331	83913	137350	130456	81902	0,120981384	88151	116569	1,3224	UNCHANGED
AT3G02530.1	558,75	3	16967	18620	15738	21191	22021	16504	0,121220611	17108	19905	1,1635	UNCHANGED
AT2G20420.1	2158,42	15	61943	63478	56261	54058	56471	59734	0,121395826	60560	56754	0,9371	UNCHANGED
AT1G66280.1	10185,25	38	245184	144310	182665	154996	120041	154682	0,121522421	190720	143240	0,7510	UNCHANGED
AT4G38740.1	10895,36	14	269588	291032	295044	216688	248881	289336	0,123331985	285221	251635	0,8822	UNCHANGED
AT5G41520.1	4169,67	6	10298	11404	13382	29274	37275	9112	0,12346881	11695	25220	2,1565	UNCHANGED
AT3G02880.1	664,54	7	20889	21667	24685	18926	19537	22386	0,123839073	22414	20283	0,9049	UNCHANGED
AT3G14310.1	1279,64	9	86639	99692	85179	81542	89750	68294	0,124174463	90504	79862	0,8824	UNCHANGED
AT2G20140.1	898,84	3	20775	19026	18118	40785	30264	18243	0,12423297	19306	29764	1,5417	UNCHANGED

AT3G10090.1	6755,41	4	101693	85216	91838	77411	75939	94439	0,125192105	92916	82596	0,8889	UNCHANGED
AT1G09620.1	293,22	2	16702	14794	15650	19409	15568	17454	0,126007583	15715	17477	1,1121	UNCHANGED
AT2G18960.1	547,10	8	19998	12463	15582	27121	17112	19143	0,126027574	16014	21126	1,3192	UNCHANGED
AT2G19480.3	972,09	3	15127	12432	11305	20495	21494	11641	0,126228404	12954	17876	1,3799	UNCHANGED
AT5G65020.1	5258,74	14	47674	39101	36747	79739	76901	34978	0,127167583	41174	63872	1,5513	UNCHANGED
AT2G29550.1	10550,91	31	24951	26762	21019	21761	22298	20741	0,127847713	24244	21600	0,8909	UNCHANGED
AT3G52500.1	1121,02	4	35276	33161	36934	29569	31705	35585	0,127854685	35123	32286	0,9192	UNCHANGED
AT1G77510.1	1277,81	12	24470	27056	27673	23985	21784	26582	0,128713815	26400	24117	0,9135	UNCHANGED
AT3G52960.1	1617,15	7	38937	49950	40070	32690	39151	40099	0,129011762	42986	37313	0,8680	UNCHANGED
AT2G21170.2	1681,42	9	49238	48210	48588	40758	40739	50107	0,131174427	48679	43868	0,9012	UNCHANGED
AT4G13940.1	15598,59	32	268702	213792	213813	298796	291852	224154	0,131503953	232102	271601	1,1702	UNCHANGED
AT2G42520.1	604,61	7	10811	11054	11029	8638	8302	11421	0,132757872	10965	9454	0,8622	UNCHANGED
AT2G43090.1	4875,68	12	43008	39968	43826	31879	37161	43069	0,132849266	42267	37370	0,8841	UNCHANGED
AT4G25630.1	5856,67	15	48392	29120	35170	32193	25420	29217	0,132887784	37561	28944	0,7706	UNCHANGED
AT4G02520.1	26256,41	18	75302	62115	69054	108626	105052	61500	0,133413004	68823	91726	1,3328	UNCHANGED
AT3G54470.1	555,99	4	16994	19901	16574	13025	18357	14567	0,13354628	17823	15316	0,8593	UNCHANGED
AT1G35720.1	13427,62	24	117579	147202	130959	243854	243036	110268	0,133780898	131913	199053	1,5090	UNCHANGED
AT1G76180.1	5475,76	10	65408	33497	36166	108912	49830	60312	0,134227876	45023	73018	1,6218	UNCHANGED
AT3G03780.1	11709,56	38	120731	120704	110174	136294	115216	128394	0,135144784	117203	126635	1,0805	UNCHANGED
AT5G16130.1	2407,08	6	14930	5989	10250	28062	14891	11189	0,137636636	10390	18047	1,7371	UNCHANGED
AT5G38480.1	3450,09	12	24759	24937	22668	47429	48351	19163	0,138137536	24121	38314	1,5884	UNCHANGED
AT2G44160.1	1728,78	15	27697	30383	27260	29191	29616	30895	0,139098055	28447	29901	1,0511	UNCHANGED
AT1G56330.1	1651,98	6	51243	54880	52140	66815	64928	49966	0,139132053	52755	60570	1,1481	UNCHANGED
AT2G30870.1	8092,98	11	75169	63722	60478	79409	84375	64242	0,139180638	66456	76009	1,1437	UNCHANGED
AT1G30230.1	3428,29	10	30027	45699	34094	73173	87763	27753	0,14023739	36607	62896	1,7182	UNCHANGED
AT3G18190.1	482,90	2	28175	29225	21269	21071	22042	24633	0,140577111	26223	22582	0,8612	UNCHANGED
AT5G52840.1	3629,27	5	13931	14797	14386	18912	23656	13428	0,141481824	14372	18665	1,2988	UNCHANGED

AT2G16360.1	10300,96	4	42449	15962	21605	104802	53193	23801	0,143034433	26672	60599	2,2720	UNCHANGED
AT2G27720.1	17798,29	7	69608	78669	78836	78065	80276	81784	0,144465771	75704	80042	1,0573	UNCHANGED
AT3G57490.1	10433,98	13	9081	13545	6097	6965	5064	7501	0,145263984	9575	6510	0,6799	UNCHANGED
AT2G47510.1	1291,72	13	92554	93847	92706	102961	90758	102193	0,145498062	93036	98637	1,0602	UNCHANGED
AT5G38940.1	9455,75	4	31490	36964	42876	30508	22120	37921	0,14591921	37110	30183	0,8133	UNCHANGED
AT1G79750.1	1973,72	3	7323	6689	7935	8140	7211	9705	0,146872962	7316	8352	1,1417	UNCHANGED
AT2G30110.1	331,76	4	20783	20183	18406	23187	18872	25629	0,147111404	19791	22563	1,1401	UNCHANGED
AT1G53750.1	861,56	4	17246	23092	22283	31832	28646	18769	0,148048694	20873	26416	1,2655	UNCHANGED
AT5G40760.1	389,39	2	11088	10346	9791	10358	11229	13293	0,148541365	10408	11627	1,1171	UNCHANGED
AT3G09440.1	13411,69	38	78458	75629	75485	75731	73657	75820	0,14857092	76524	75069	0,9810	UNCHANGED
AT4G34200.1	2667,74	18	112359	157153	120376	108199	113797	110315	0,148975202	129963	110770	0,8523	UNCHANGED
AT1G53850.1	832,36	2	15102	14873	13722	14726	17204	15074	0,149111875	14566	15668	1,0757	UNCHANGED
AT4G35090.1	5061,30	18	129078	102313	108610	133677	109928	140686	0,149145291	113334	128097	1,1303	UNCHANGED
AT3G17240.1	2841,01	11	61290	65279	69332	56358	59041	66595	0,149405911	65301	60664	0,9290	UNCHANGED
AT3G52560.1	1554,24	3	30525	25714	37636	25262	28279	25971	0,149583329	31292	26504	0,8470	UNCHANGED
AT3G12915.1	5324,16	35	64251	62121	58580	58184	49314	61894	0,150248254	61651	56464	0,9159	UNCHANGED
AT1G05240.1	1603,06	5	19284	23409	21783	22566	17450	13318	0,150534186	21492	17778	0,8272	UNCHANGED
AT4G25900.1	1044,44	5	16581	9535	12172	9548	9323	10958	0,15099737	12763	9943	0,7790	UNCHANGED
AT4G24830.2	1204,34	3	42634	47584	35998	37092	32091	41652	0,152859091	42072	36945	0,8781	UNCHANGED
AT2G44060.1	2640,41	9	94699	92174	86811	87115	91364	75121	0,153059753	91228	84533	0,9266	UNCHANGED
AT4G35830.1	5298,51	41	83661	85653	83217	86667	84525	96944	0,153192572	84177	89378	1,0618	UNCHANGED
AT3G09630.1	12896,77	27	16587	3801	27676	88062	3699	55002	0,155361477	16021	48921	3,0535	UNCHANGED
AT2G36530.1	29123,71	30	521513	520126	522895	486320	501145	528037	0,156189124	521511	505167	0,9687	UNCHANGED
AT1G22780.1	12355,62	8	32857	12420	28544	157736	32855	43264	0,156583158	24607	77952	3,1679	UNCHANGED
AT4G27090.1	1916,87	3	38197	20265	19988	41501	28962	33005	0,157806446	26150	34489	1,3189	UNCHANGED
AT1G48850.1	760,95	4	24585	20034	20067	24697	21307	34684	0,157807234	21562	26896	1,2474	UNCHANGED
AT4G38220.1	1271,80	7	16120	19781	20928	25334	26286	17018	0,159294686	18943	22879	1,2078	UNCHANGED

AT1G45000.1	1923,76	6	27232	21624	18995	34716	25053	23084	0,160708625	22617	27618	1,2211	UNCHANGED
AT4G29010.1	639,83	3	24811	25104	24570	26413	25313	36310	0,162762039	24828	29345	1,1819	UNCHANGED
AT5G03300.1	17494,71	23	42635	48158	48376	40001	43481	46777	0,167511853	46390	43420	0,9360	UNCHANGED
AT4G13850.4	6077,22	4	30920	27094	30497	18350	28903	28371	0,169150624	29504	25208	0,8544	UNCHANGED
AT1G31180.1	462,65	3	2699	4630	3567	3016	3560	1906	0,169749286	3632	2827	0,7785	UNCHANGED
AT2G02930.1	17882,52	13	5329	3912	4452	6796	6030	4020	0,169987663	4564	5615	1,2303	UNCHANGED
AT3G62870.1	2346,70	10	6136	-1	5341	41154	1777	12330	0,170082695	3825	18420	4,8155	UNCHANGED
AT4G31700.1	6016,74	7	45104	27234	24113	25167	25802	21176	0,170248416	32150	24048	0,7480	UNCHANGED
AT5G56030.1	4875,91	36	152984	41995	60828	201296	103899	102533	0,172745427	85269	135910	1,5939	UNCHANGED
AT3G16400.1	11797,16	32	271532	253291	278733	249697	207149	274401	0,173583365	267852	243749	0,9100	UNCHANGED
AT5G13110.1	300,46	3	7045	7580	7597	5855	6116	7903	0,17400354	7407	6624	0,8943	UNCHANGED
AT3G54400.1	724,37	7	22925	25766	30700	19599	19930	28246	0,174288085	26464	22592	0,8537	UNCHANGED
AT1G51470.1	4864,10	20	67337	62822	74303	72795	67139	89091	0,174486572	68154	76342	1,1201	UNCHANGED
AT1G74050.1	5333,20	9	5586	1344	4654	39055	2189	10449	0,176877812	3861	17231	4,4624	UNCHANGED
AT2G36880.1	10357,91	26	280131	243087	230988	206149	193228	267489	0,177538951	251402	222289	0,8842	UNCHANGED
AT1G66580.1	5567,26	6	11542	7245	15176	28196	5743	25320	0,177837101	11321	19753	1,7448	UNCHANGED
AT2G27710.1	15239,26	8	135657	145178	154791	132012	150114	123134	0,180458618	145209	135087	0,9303	UNCHANGED
AT1G12840.1	878,36	4	44446	48825	45648	48446	41731	35005	0,180541497	46306	41728	0,9011	UNCHANGED
AT4G20860.1	406,14	2	11441	11883	12043	6599	6105	13888	0,182478594	11789	8864	0,7519	UNCHANGED
AT5G55070.1	782,33	2	54225	51152	59924	48265	45300	57662	0,182681232	55100	50409	0,9149	UNCHANGED
AT3G60770.1	7062,33	8	13332	5038	13925	60758	5521	22763	0,182957667	10765	29681	2,7572	UNCHANGED
AT3G46030.1	9455,11	4	69583	21105	29228	170942	38438	55869	0,183415099	39972	88416	2,2120	UNCHANGED
AT5G23540.2	979,06	4	15133	16438	15805	15560	18954	16386	0,186230732	15792	16967	1,0744	UNCHANGED
AT4G39260.1	40471,31	10	256073	288832	267384	222651	270501	264295	0,186285507	270763	252482	0,9325	UNCHANGED
AT1G66410.1	3960,76	5	61266	44705	53453	60841	81634	49725	0,187602153	53141	64067	1,2056	UNCHANGED
AT2G04780.1	5437,53	3	5786	28294	17441	25759	21184	26669	0,187724148	17174	24537	1,4288	UNCHANGED
AT5G20290.1	2827,06	8	36597	26136	20654	16347	10478	32366	0,189046417	27796	19730	0,7098	UNCHANGED

AT5G02870.2	13340,50	23	13753	2594	22178	58786	2530	32118	0,189982513	12842	31145	2,4252	UNCHANGED
AT2G21580.2	9438,93	4	28054	10484	14944	69866	24409	15588	0,191005815	17827	36621	2,0542	UNCHANGED
AT1G07890.3	33423,33	23	603511	554459	566332	554951	463349	583534	0,191386144	574767	533945	0,9290	UNCHANGED
AT3G59970.3	2677,93	18	55493	69911	64303	67006	64835	72369	0,191530898	63236	68070	1,0765	UNCHANGED
AT1G74030.1	1363,46	9	37175	45581	38140	36577	34813	40191	0,191901508	40299	37194	0,9229	UNCHANGED
AT1G18540.1	5887,15	11	11068	2418	12645	64974	3295	19045	0,192696825	8711	29105	3,3413	UNCHANGED
AT5G37600.1	3309,28	14	55980	73682	65120	54184	59253	63944	0,195571032	64928	59127	0,9107	UNCHANGED
AT2G19730.1	11205,44	5	114660	55793	71558	145761	110105	68443	0,196064864	80670	108103	1,3401	UNCHANGED
AT5G18170.1	3538,04	7	15662	13356	13841	11655	9366	15728	0,196347259	14286	12250	0,8575	UNCHANGED
AT5G40770.1	2786,54	11	18535	21096	19142	21307	26234	18555	0,19705256	19591	22032	1,1246	UNCHANGED
AT5G07030.1	3452,47	20	136083	134447	150952	118854	102362	152331	0,197312903	140494	124516	0,8863	UNCHANGED
AT5G57870.1	617,80	6	21831	22016	19034	20849	20473	17398	0,197984389	20960	19573	0,9338	UNCHANGED
AT3G12290.1	2754,46	7	34987	35762	31307	27861	27251	36803	0,198286701	34019	30638	0,9006	UNCHANGED
AT5G50850.1	3352,15	7	52913	61260	58995	58385	58187	69915	0,199286278	57723	62162	1,0769	UNCHANGED
AT1G70770.1	566,84	4	18895	22550	21665	30921	26934	17737	0,199993194	21037	25197	1,1978	UNCHANGED
AT5G59880.2	6200,53	5	38484	42147	39387	49156	59955	34384	0,200961271	40006	47832	1,1956	UNCHANGED
AT3G59920.1	1388,70	12	30208	29358	31403	25197	31387	28676	0,201363822	30323	28420	0,9372	UNCHANGED
AT1G18270.1	262,31	3	19148	19171	17119	17603	13280	19018	0,201489649	18479	16634	0,9001	UNCHANGED
AT1G51980.1	4242,37	24	117112	115186	125477	106638	104345	125356	0,203393142	119259	112113	0,9401	UNCHANGED
AT3G04840.1	8930,02	14	37719	20336	36736	115407	26826	39126	0,203856284	31597	60453	1,9133	UNCHANGED
AT2G01250.1	12587,31	14	20293	1474	25667	111851	11782	22746	0,204173133	15811	48793	3,0860	UNCHANGED
AT2G39310.1	1816,19	20	86512	44623	71094	97912	70941	74917	0,204953462	67409	81257	1,2054	UNCHANGED
AT4G19410.1	3411,41	10	64717	42745	54998	46911	41248	53616	0,205575165	54153	47258	0,8727	UNCHANGED
AT1G78830.1	1524,18	5	36968	39338	32989	22958	25474	42186	0,206787305	36432	30206	0,8291	UNCHANGED
AT1G33120.1	16531,34	14	122041	47109	78699	183256	80329	92522	0,207450448	82616	118703	1,4368	UNCHANGED
AT3G25520.1	5348,18	9	40542	21048	26881	77762	22465	38283	0,21104077	29490	46170	1,5656	UNCHANGED
AT1G17290.1	2023,94	13	28633	33487	28067	22192	30014	29686	0,21331479	30063	27298	0,9080	UNCHANGED

AT5G15200.1	7210,38	9	29257	11290	42028	161312	10602	45347	0,214644114	27525	72420	2,6311	UNCHANGED
AT3G06850.1	548,43	2	13002	21961	25115	11096	10294	23759	0,215708127	20026	15049	0,7515	UNCHANGED
AT4G34670.1	8075,25	11	23601	14845	24689	78555	16456	24841	0,217118848	21045	39951	1,8984	UNCHANGED
AT1G15930.2	7640,06	6	45120	53692	50161	42305	53580	40176	0,217463214	49658	45354	0,9133	UNCHANGED
AT5G08670.1	27278,97	38	456885	485074	467494	449676	445730	479214	0,218706296	469818	458207	0,9753	UNCHANGED
AT1G18080.1	4117,23	17	92717	123250	101099	95647	107335	84963	0,219355639	105689	95982	0,9082	UNCHANGED
AT5G44120.3	493,91	2	8509	14408	22557	22725	18877	15965	0,220312343	15158	19189	1,2659	UNCHANGED
AT4G38680.1	3160,99	2	82037	152586	83446	74054	156806	200528	0,222731004	106023	143796	1,3563	UNCHANGED
AT3G11830.1	895,10	9	23906	31974	24350	26159	22326	24176	0,223460863	26743	24221	0,9057	UNCHANGED
AT5G19990.1	1463,93	7	29113	18106	19778	30845	23170	23761	0,223469893	22332	25925	1,1609	UNCHANGED
AT2G37170.1	2568,32	2	115472	99608	138641	118898	104294	96837	0,224801459	117907	106677	0,9048	UNCHANGED
AT3G58610.1	2583,56	10	75752	92885	70247	74276	79213	64840	0,224835973	79628	72776	0,9140	UNCHANGED
AT1G79930.2	1926,14	25	28295	33393	29372	29585	25438	30517	0,225069318	30353	28513	0,9394	UNCHANGED
AT5G42020.1	9797,74	33	89477	78168	78065	85074	71034	75622	0,226446421	81903	77243	0,9431	UNCHANGED
AT5G54640.1	3091,09	3	80255	68937	78918	123786	105253	55558	0,226919479	76037	94866	1,2476	UNCHANGED
AT2G05990.1	1058,93	6	28998	29930	28461	27105	32467	33037	0,228136296	29130	30869	1,0597	UNCHANGED
AT5G19440.1	1244,91	5	15653	13230	18357	17156	16146	18069	0,229019872	15747	17124	1,0874	UNCHANGED
AT2G17360.1	11973,81	18	74700	19050	86895	197385	12907	118795	0,230387565	60215	109696	1,8217	UNCHANGED
AT3G48930.1	17783,39	13	96035	22145	116271	186961	33445	148847	0,23146199	78150	123085	1,5750	UNCHANGED
AT2G37190.1	12468,98	13	165733	152455	154376	178049	194558	141856	0,233671343	157521	171488	1,0887	UNCHANGED
AT4G09320.1	16012,92	9	192886	174781	167173	149940	159250	190524	0,235735149	178280	166571	0,9343	UNCHANGED
AT3G02560.1	1384,96	5	14196	5933	8887	22624	11353	7591	0,236429741	9672	13856	1,4326	UNCHANGED
AT4G23690.1	1316,68	4	20215	16064	21844	22601	17631	24036	0,237194896	19374	21423	1,1057	UNCHANGED
AT5G61790.1	1160,32	12	36404	43356	42245	49189	66339	32321	0,237440966	40668	49283	1,2118	UNCHANGED
AT4G18100.1	8961,38	8	36864	15503	24750	77619	9368	41985	0,239023682	25705	42991	1,6724	UNCHANGED
AT1G47600.1	4927,69	21	79692	76627	88768	83150	78679	105382	0,23932137	81696	89071	1,0903	UNCHANGED
AT4G34870.1	25622,83	12	452384	472146	494562	434306	465713	477622	0,240065296	473031	459214	0,9708	UNCHANGED

AT2G34480.1	4118,92	9	35337	11543	48406	160475	9035	43637	0,242028012	31762	71049	2,2369	UNCHANGED
AT3G11130.1	330,01	8	22143	20601	20841	31873	20536	20694	0,243793599	21195	24368	1,1497	UNCHANGED
AT5G17380.1	683,94	4	19335	21360	16708	22794	17228	22609	0,244264495	19134	20877	1,0911	UNCHANGED
AT3G60750.2	2398,04	21	62928	67121	61554	62057	65024	73649	0,245103655	63868	66910	1,0476	UNCHANGED
AT1G53240.1	23328,68	22	248077	283206	261925	245423	259708	261228	0,245403408	264403	255453	0,9662	UNCHANGED
AT4G39200.2	10954,67	5	14760	5644	5661	29035	10496	5179	0,246044149	8688	14903	1,7153	UNCHANGED
AT2G18020.1	5253,68	7	21731	15845	15132	28449	10507	29091	0,248227011	17570	22683	1,2910	UNCHANGED
AT5G09810.1	16324,02	29	85048	82057	85166	79082	90246	94195	0,248404943	84090	87841	1,0446	UNCHANGED
AT2G22230.1	1333,26	4	33570	26159	35509	26845	27735	32968	0,250987213	31746	29183	0,9193	UNCHANGED
AT1G11580.1	3116,56	18	96425	145761	124637	107442	112652	112012	0,251833612	122274	110702	0,9054	UNCHANGED
AT1G77940.1	14363,92	7	79811	61419	82124	75184	62609	68655	0,252224779	74451	68816	0,9243	UNCHANGED
AT1G18210.1	1474,14	4	37952	36960	33748	35928	40851	36332	0,253023812	36220	37703	1,0410	UNCHANGED
AT3G13580.1	6117,05	11	4072	321	4006	13912	1052	3158	0,253415385	2800	6041	2,1576	UNCHANGED
AT1G64230.4	8674,69	3	101119	80784	88808	82168	88812	85424	0,25545654	90237	85468	0,9472	UNCHANGED
AT1G36240.1	14027,44	6	31392	24158	32302	34794	28246	31772	0,255809759	29284	31604	1,0792	UNCHANGED
AT1G56410.1	12547,53	32	56682	53669	58465	57219	54136	53576	0,256721855	56272	54977	0,9770	UNCHANGED
AT5G28020.1	718,13	3	6266	4583	4269	5442	4004	3985	0,257907914	5039	4477	0,8884	UNCHANGED
AT5G15090.1	8593,08	14	211176	231463	203902	196237	217041	211112	0,258192268	215514	208130	0,9657	UNCHANGED
AT2G38380.1	11895,34	15	199715	233111	276155	232937	237462	309213	0,258703873	236327	259870	1,0996	UNCHANGED
AT4G37870.1	1725,51	14	42266	44238	40669	38219	38599	45002	0,259360551	42391	40607	0,9579	UNCHANGED
AT4G34450.1	514,82	5	25249	24055	20712	24990	22354	16377	0,259542858	23339	21240	0,9101	UNCHANGED
AT3G17020.1	3054,50	5	25549	32205	24415	21694	28856	24855	0,259996211	27390	25135	0,9177	UNCHANGED
AT5G20920.2	2204,39	7	21040	13606	15338	19063	20508	15925	0,264963789	16661	18498	1,1103	UNCHANGED
AT3G02080.1	11018,57	11	82842	52906	67614	98450	83273	54015	0,266788399	67787	78579	1,1592	UNCHANGED
AT3G17940.1	562,68	3	14196	15012	18241	15051	18352	17258	0,267508839	15816	16887	1,0677	UNCHANGED
AT4G20260.1	10977,16	10	177571	172190	179141	163097	199424	190862	0,268137909	176301	184461	1,0463	UNCHANGED
AT4G26010.1	8418,76	16	134641	140414	142304	155688	124342	164389	0,268744164	139120	148140	1,0648	UNCHANGED

AT1G78870.3	2367,99	5	6935	5994	7929	6847	7337	4618	0,269052394	6953	6267	0,9014	UNCHANGED
AT3G07320.1	491,04	2	23450	15465	15656	17019	17345	14344	0,271889887	18190	16236	0,8926	UNCHANGED
AT4G11010.1	3257,69	8	112030	121759	123449	98108	117729	123818	0,272329896	119079	113218	0,9508	UNCHANGED
AT4G23100.1	404,14	2	36896	32453	39935	39898	31318	30788	0,273602944	36428	34001	0,9334	UNCHANGED
AT3G26720.1	445,44	5	16235	16810	17830	17241	15723	22039	0,274260031	16959	18334	1,0811	UNCHANGED
AT3G09680.1	3283,25	3	21010	10178	8428	31022	5257	20298	0,275337179	13205	18859	1,4281	UNCHANGED
AT5G26360.1	299,00	2	24879	18524	20665	21175	21829	15907	0,275632171	21356	19637	0,9195	UNCHANGED
AT1G48600.1	1028,37	5	42756	34186	33222	36124	32861	34614	0,275735065	36721	34533	0,9404	UNCHANGED
AT3G52990.2	938,20	3	14997	16747	13160	19780	15960	13400	0,275865106	14968	16380	1,0943	UNCHANGED
AT4G31990.1	1727,32	14	28388	30044	27340	34399	29206	26936	0,277552037	28590	30180	1,0556	UNCHANGED
AT3G04120.1	33062,03	31	719973	533152	630375	650207	640100	710624	0,277804586	627834	666977	1,0623	UNCHANGED
AT1G06030.1	5966,12	13	9981	8931	8727	7833	8083	10106	0,277965838	9213	8674	0,9415	UNCHANGED
AT1G04170.1	454,83	2	11020	9340	10562	9482	7240	11527	0,279165707	10307	9416	0,9136	UNCHANGED
AT3G12780.1	1339,73	12	16336	16035	12725	14662	15271	18155	0,28120856	15032	16030	1,0664	UNCHANGED
AT4G14030.1	2160,09	15	57154	64742	65164	59094	50099	67079	0,281369858	62353	58757	0,9423	UNCHANGED
AT1G73230.1	2803,26	4	23310	24167	27293	22002	28474	17721	0,283384229	24923	22732	0,9121	UNCHANGED
AT1G11860.1	1809,87	9	40358	38255	45115	41070	37200	59588	0,285731213	41243	45952	1,1142	UNCHANGED
AT1G09590.1	4537,77	5	29606	13984	16856	43589	7270	31762	0,288208694	20148	27540	1,3669	UNCHANGED
AT2G44120.1	11411,02	14	32366	3336	30366	74807	13684	18176	0,290186309	22023	35556	1,6145	UNCHANGED
AT1G24360.1	1649,71	4	29636	29080	26506	29432	34996	26039	0,290901618	28407	30156	1,0616	UNCHANGED
AT3G09810.1	551,93	3	7266	7751	7451	7533	7293	7351	0,291758124	7489	7392	0,9870	UNCHANGED
AT3G20000.1	673,60	2	4189	6102	5284	6656	12085	2311	0,293525778	5191	7017	1,3516	UNCHANGED
AT1G72370.1	15837,83	14	138660	163353	152207	150678	157814	123018	0,294988639	151407	143837	0,9500	UNCHANGED
AT1G35580.3	453,80	2	10133	6159	9407	8033	7798	7533	0,295038548	8566	7788	0,9091	UNCHANGED
AT1G48030.1	2943,97	16	42971	45818	47681	43781	45465	52749	0,296088232	45490	47332	1,0405	UNCHANGED
AT5G13450.1	2096,36	6	29903	56236	65909	62056	60557	49923	0,299775756	50683	57512	1,1347	UNCHANGED
AT3G53420.1	3328,09	5	62818	52390	70909	64615	57979	52449	0,300101912	62039	58348	0,9405	UNCHANGED

AT4G37070.4	1072,74	6	46954	48713	47733	52116	40629	62105	0,300781896	47800	51617	1,0798	UNCHANGED
AT5G11170.1	994,89	9	22344	35687	21836	24736	23226	23599	0,302131525	26622	23854	0,8960	UNCHANGED
AT5G17820.1	24456,58	22	436415	436508	441971	464298	391614	534191	0,30228354	438298	463368	1,0572	UNCHANGED
AT1G02335.1	1901,99	3	112991	111449	128119	112705	118443	136090	0,305338784	117519	122413	1,0416	UNCHANGED
AT4G19880.1	538,76	3	25052	26716	26964	26360	28642	18031	0,308814696	26244	24344	0,9276	UNCHANGED
AT4G30190.1	609,39	9	37784	28125	34450	52395	24662	37688	0,309631304	33453	38248	1,1433	UNCHANGED
AT2G01140.1	4046,23	13	92588	81543	81609	85959	90408	86000	0,310294163	85247	87456	1,0259	UNCHANGED
AT1G67430.1	10685,26	7	120672	37019	111022	197915	53597	98398	0,311741941	89571	116637	1,3022	UNCHANGED
AT3G55410.1	373,27	3	16616	13638	13556	13679	14373	14011	0,312011712	14603	14021	0,9601	UNCHANGED
AT1G29880.1	345,98	2	19421	17390	17258	18401	14625	18651	0,313125248	18023	17225	0,9557	UNCHANGED
AT5G28540.1	10505,99	34	144398	123606	123496	144528	124077	137086	0,316776158	130500	135230	1,0362	UNCHANGED
AT2G26080.1	546,09	6	21044	26422	24277	18396	26193	22885	0,31752284	23914	22491	0,9405	UNCHANGED
AT2G32060.1	5276,33	6	29732	32749	29676	32453	42860	25317	0,318776471	30719	33544	1,0919	UNCHANGED
AT3G04790.1	963,89	2	26935	25404	25146	23051	18850	30158	0,320254335	25828	24020	0,9300	UNCHANGED
AT5G20630.1	2731,61	3	30475	24706	36435	22696	33356	28784	0,323965832	30539	28279	0,9260	UNCHANGED
AT1G78900.1	7988,56	45	181385	195414	187654	165914	195079	188635	0,324410749	188151	183209	0,9737	UNCHANGED
AT5G27850.1	5581,84	8	56772	21052	36102	85081	19693	41908	0,325156599	37976	48894	1,2875	UNCHANGED
AT4G24280.1	555,03	7	18156	22889	23045	18250	22447	20465	0,327241568	21363	20387	0,9543	UNCHANGED
AT4G20850.1	355,06	4	17084	14204	15716	14262	17075	17569	0,328979571	15668	16302	1,0405	UNCHANGED
AT3G55280.3	6154,51	4	8303	3209	11645	19713	1903	9935	0,329429574	7719	10517	1,3625	UNCHANGED
AT5G13430.1	1124,78	2	29651	28228	28337	24886	24947	32479	0,329628454	28739	27437	0,9547	UNCHANGED
AT5G19550.1	3919,88	26	89662	93498	77061	79202	96197	95414	0,330029715	86740	90271	1,0407	UNCHANGED
AT5G38930.1	6816,41	2	20411	21999	38855	20141	21552	29918	0,330643493	27088	23870	0,8812	UNCHANGED
AT2G44100.2	1026,94	9	33447	37488	41618	40673	35329	40764	0,331052367	37518	38922	1,0374	UNCHANGED
AT1G20950.1	505,04	5	24954	29801	24923	26418	30791	25678	0,331282403	26559	27629	1,0403	UNCHANGED
AT3G21770.1	6490,28	16	89553	106385	103962	83274	96893	107349	0,331337411	99967	95839	0,9587	UNCHANGED
AT2G14740.1	420,12	3	7847	5434	7579	6393	7246	8630	0,332230956	6953	7423	1,0676	UNCHANGED

AT1G70490.1	7081,55	11	123560	120260	99634	115490	107467	136158	0,335068126	114484	119705	1,0456	UNCHANGED
AT3G62120.1	469,55	5	18629	11886	12752	17009	11798	10499	0,33662977	14422	13102	0,9085	UNCHANGED
AT1G53310.1	481,73	11	41475	36446	41160	48660	46526	31821	0,33685036	39694	42335	1,0666	UNCHANGED
ATCG00490.1	2087,25	18	70258	98778	53367	64894	49527	160740	0,336933938	74134	91720	1,2372	UNCHANGED
AT1G14980.1	10542,94	4	52475	44994	53057	55890	47284	52040	0,343180193	50175	51738	1,0311	UNCHANGED
AT4G16143.1	607,16	4	8791	12902	11052	14418	11463	9314	0,345043892	10915	11732	1,0748	UNCHANGED
AT4G22670.1	1980,62	8	25140	29042	32308	37472	37493	19843	0,346141963	28830	31603	1,0962	UNCHANGED
AT3G15730.1	1770,62	22	104324	108362	99101	111391	103044	102344	0,347842445	103929	105593	1,0160	UNCHANGED
AT2G47730.1	17041,95	17	115510	113659	114542	144355	135349	87729	0,348387264	114570	122477	1,0690	UNCHANGED
AT5G15650.1	13142,62	26	120718	124677	125600	124735	123452	120342	0,350315655	123665	122843	0,9934	UNCHANGED
AT4G35630.1	4875,62	22	88566	175774	172789	130852	82188	175488	0,350621218	145710	129509	0,8888	UNCHANGED
AT2G24940.1	3277,37	4	31776	49937	51523	43377	47628	50656	0,354143828	44412	47220	1,0632	UNCHANGED
AT5G07350.1	536,91	9	19478	19213	17626	20200	17001	20715	0,354794458	18773	19305	1,0284	UNCHANGED
AT3G04400.2	28055,41	9	218624	201599	239594	267151	254330	176253	0,355068048	219939	232578	1,0575	UNCHANGED
AT4G11150.1	5574,97	17	97423	93088	99978	108501	93623	76439	0,356278405	96830	92854	0,9589	UNCHANGED
AT1G58380.1	14553,06	15	231709	144591	172624	203756	145327	245932	0,356528171	182975	198339	1,0840	UNCHANGED
AT5G20890.1	617,75	2	18521	29559	23581	30514	26198	20126	0,357106198	23887	25613	1,0723	UNCHANGED
AT3G07390.1	5882,26	3	19433	14604	16265	15955	13825	24777	0,362742114	16767	18186	1,0846	UNCHANGED
AT1G47250.1	1345,34	6	9391	9156	9460	8834	9297	9603	0,367561109	9336	9245	0,9903	UNCHANGED
AT1G12240.1	1842,35	6	23842	26712	27280	25138	25876	28391	0,368100321	25945	26468	1,0202	UNCHANGED
AT2G09990.1	2247,74	4	33702	15938	24610	34261	24060	22683	0,3702388	24750	27002	1,0910	UNCHANGED
AT5G18380.1	10928,56	7	124575	67274	91032	104741	75656	82453	0,372858894	94294	87617	0,9292	UNCHANGED
AT3G20390.1	6800,37	10	58648	68682	66647	66705	78480	34215	0,375935711	64659	59800	0,9249	UNCHANGED
AT5G44130.1	1039,36	3	36195	40278	48354	34467	36469	64847	0,376806228	41609	45261	1,0878	UNCHANGED
AT3G13920.1	5175,21	24	159471	152036	168063	151609	152519	168450	0,380852365	159857	157526	0,9854	UNCHANGED
AT5G67500.1	3671,92	6	109719	101549	99747	106624	90512	124208	0,381557053	103672	107115	1,0332	UNCHANGED
AT2G23350.1	330,44	3	17365	16832	15602	16518	16854	15850	0,384234468	16600	16407	0,9884	UNCHANGED

AT3G22960.1	506,27	4	31215	27005	24025	26046	23008	30395	0,385425485	27415	26483	0,9660	UNCHANGED
AT5G12110.1	4425,22	7	1689	1212	1944	1575	1237	1783	0,385765044	1615	1532	0,9483	UNCHANGED
AT4G16720.1	2549,76	2	96534	47639	66694	82921	51459	93846	0,388468551	70289	76075	1,0823	UNCHANGED
AT3G47370.2	6305,84	6	119226	86107	97439	95054	98970	99571	0,39190974	100924	97865	0,9697	UNCHANGED
AT2G41840.1	14067,30	18	275315	139415	173149	196520	129498	218474	0,392044234	195960	181497	0,9262	UNCHANGED
AT4G13930.1	12728,66	36	200517	194362	202366	195273	206525	190701	0,392206839	199081	197500	0,9921	UNCHANGED
AT2G38390.1	5155,76	10	47750	39752	58017	57956	38434	56219	0,393650102	48506	50869	1,0487	UNCHANGED
AT2G47110.1	4459,28	7	133569	60532	104895	106734	82064	132470	0,394602073	99665	107089	1,0745	UNCHANGED
AT1G27130.1	1144,81	3	29757	36151	29869	31972	31522	30347	0,395872356	31926	31281	0,9798	UNCHANGED
AT1G56070.1	10378,19	57	328417	364795	306740	360728	310537	347051	0,400089026	333317	339439	1,0184	UNCHANGED
AT4G26690.1	1013,06	5	44842	47247	51095	46423	36838	67752	0,401986675	47728	50338	1,0547	UNCHANGED
AT3G08580.1	6610,30	18	232843	190083	215963	244207	191976	218204	0,402514763	212963	218129	1,0243	UNCHANGED
AT5G20980.1	5134,43	22	15697	16207	15584	15653	15195	17135	0,40490797	15829	15994	1,0104	UNCHANGED
AT3G01280.1	7930,18	17	254335	244890	230740	236713	227934	278698	0,406295005	243322	247781	1,0183	UNCHANGED
AT2G38700.1	567,93	2	38772	34092	35860	35174	36006	38886	0,406548566	36241	36688	1,0123	UNCHANGED
AT3G51800.3	928,15	3	44716	35814	44317	44382	43101	34145	0,408419912	41616	40543	0,9742	UNCHANGED
AT2G16600.1	11738,19	8	273203	229615	245353	238759	204461	285270	0,410530877	249391	242830	0,9737	UNCHANGED
AT1G79550.1	14541,42	28	277518	258733	239208	240987	238407	283233	0,41354356	258486	254209	0,9835	UNCHANGED
AT5G11520.1	854,10	7	28651	25931	26438	25504	28065	28272	0,416819022	27007	27280	1,0101	UNCHANGED
AT4G36130.1	3550,96	7	3051	2099	1969	3121	1143	3396	0,417167244	2373	2553	1,0759	UNCHANGED
AT5G56500.1	521,91	6	27840	31286	24644	28035	30295	23608	0,417425951	27923	27313	0,9781	UNCHANGED
AT3G25860.1	1247,98	7	26604	31035	28666	28265	28565	28569	0,417958911	28768	28466	0,9895	UNCHANGED
AT1G50480.1	847,40	11	33438	33344	34174	32956	26420	39075	0,420371243	33652	32817	0,9752	UNCHANGED
AT2G35120.1	2331,90	3	55794	60829	69460	40063	64448	74300	0,420375238	62027	59604	0,9609	UNCHANGED
AT2G46280.1	1585,85	8	28319	26311	29060	23430	28720	30095	0,420981054	27897	27415	0,9827	UNCHANGED
AT5G47210.1	1728,60	7	46643	16189	43508	64099	33588	18651	0,42537538	35447	38779	1,0940	UNCHANGED
AT1G79340.1	1712,66	9	70692	60602	67549	61381	65811	74521	0,427330636	66281	67237	1,0144	UNCHANGED

AT3G02090.1	1899,25	18	99024	94469	107770	113386	81118	100651	0,427739672	100421	98385	0,9797	UNCHANGED
AT3G23990.1	2753,28	22	76113	80285	67245	82347	78009	66711	0,429844273	74548	75689	1,0153	UNCHANGED
AT2G15620.1	636,80	3	21453	20428	21674	20949	17613	26550	0,430689946	21185	21704	1,0245	UNCHANGED
AT5G27470.1	290,97	2	14456	11467	13541	17635	12979	10162	0,432957904	13155	13592	1,0332	UNCHANGED
AT1G65980.1	18295,45	14	185170	177621	180340	154200	180253	200916	0,433401208	181044	178456	0,9857	UNCHANGED
AT5G60980.1	1047,22	6	37889	27746	31089	24397	26788	50201	0,436209939	32241	33795	1,0482	UNCHANGED
AT3G09260.1	21920,75	37	797121	618741	641663	745154	677593	665344	0,439694693	685842	696030	1,0149	UNCHANGED
AT2G33150.1	6489,52	21	123505	115422	123516	120229	111592	134115	0,440644077	120814	121979	1,0096	UNCHANGED
AT5G58290.1	1309,61	8	33462	30039	30754	34304	31518	27325	0,440822536	31418	31049	0,9882	UNCHANGED
AT2G43750.1	2333,80	9	17213	19514	16297	16227	18028	18242	0,443581099	17675	17499	0,9901	UNCHANGED
AT1G14320.2	5194,91	5	18332	5222	21283	23799	6410	17719	0,445808816	14946	15976	1,0689	UNCHANGED
AT3G06050.1	2260,77	7	46792	46800	49886	39140	51477	54978	0,44899439	47826	48532	1,0148	UNCHANGED
AT2G17420.1	3664,54	13	85177	86877	92653	78752	86619	96933	0,449282458	88235	87435	0,9909	UNCHANGED
AT5G51970.1	954,48	3	20212	21556	20217	17451	24313	19358	0,451185926	20662	20374	0,9861	UNCHANGED
AT2G18980.1	4377,63	17	25788	25193	28234	25926	23270	30992	0,452024018	26405	26729	1,0123	UNCHANGED
AT1G27970.1	3067,80	4	39513	48751	48732	42156	50491	42963	0,457547282	45665	45203	0,9899	UNCHANGED
AT5G55480.1	666,19	5	21779	22831	25760	21952	15343	31468	0,460357596	23457	22921	0,9771	UNCHANGED
AT2G45470.1	1520,46	5	74278	75931	90081	78797	72548	91288	0,460792118	80097	80878	1,0098	UNCHANGED
AT1G70600.1	2076,46	3	72362	32607	50707	55034	27783	67741	0,461229831	51892	50186	0,9671	UNCHANGED
AT2G41800.1	767,94	5	23392	18556	21126	18339	18387	27277	0,465567235	21025	21334	1,0147	UNCHANGED
AT3G07480.1	1273,61	2	28193	24020	22853	22091	23348	30401	0,468711627	25022	25280	1,0103	UNCHANGED
AT5G10860.1	3959,79	11	61113	55967	55982	55224	42497	73059	0,470024086	57687	56927	0,9868	UNCHANGED
AT5G67400.1	1310,54	7	33468	23879	34478	31242	32363	28949	0,475254909	30609	30851	1,0079	UNCHANGED
AT1G07920.1	16121,77	28	660810	678764	488685	615694	634496	565097	0,475627968	609420	605095	0,9929	UNCHANGED
AT5G23740.1	12605,62	10	57094	18178	75892	69595	21310	64729	0,475632268	50388	51878	1,0296	UNCHANGED
AT1G54010.1	7899,79	17	124058	125569	129965	123062	108051	146182	0,475784807	126531	125765	0,9939	UNCHANGED
AT5G13420.1	2036,61	13	73418	95849	71727	91754	73734	77193	0,478059041	80331	80893	1,0070	UNCHANGED

AT3G55440.1	16366,71	23	238604	303919	245238	246624	291691	253305	0,480924507	262587	263873	1,0049	UNCHANGED
AT1G64190.1	2362,35	19	45223	46847	43906	47895	42559	45320	0,485962561	45325	45258	0,9985	UNCHANGED
AT3G20370.1	3673,30	15	96332	95688	111047	103969	88039	111624	0,491812459	101022	101211	1,0019	UNCHANGED
AT1G43170.1	2683,51	19	52060	36632	35572	44289	22515	58007	0,494233456	41421	41604	1,0044	UNCHANGED
AT5G59310.1	2724,85	2	-1	-1	-1	41643	43964	4197	0,072914781	-1	29935	-29934,6667	-
AT3G60900.1	1197,87	2	644	-1	2958	-1	-1	-1	0,15649081	1200	-1	-0,0008	-

ANEXO: Análise proteômica de plantas tratadas com ABA+flg22

accession	max score	reported peptides	Controle1	Controle2	Controle3	aba+flg22_1	aba+flg22_2	aba+flg22_3	teste t	média controle	média aba+flg22	MaxFold	TAG
AT4G11600.1	1663,70	3	24346	19539	21937	45476	51712	34947	0,018669	21941	44045	2,01E+00	UP
AT2G30860.1	37685,66	16	340346	292955	322631	507748	549028	423447	0,01491	318644	493407	1,55E+00	UP
AT2G30870.1	8092,98	11	75169	63722	60478	127752	128728	83985	0,037655	66456	113489	1,71E+00	UP
AT1G54100.1	896,57	9	20283	26727	21103	52635	48039	55833	0,000335	22704	52169	2,30E+00	UP
AT1G18100.1	1635,24	4	1	1	1	4702	5466	7923	0,012502	1	6030	6,03E+03	UP
AT5G52300.2	465,44	6	1	1	1	17381	24704	28095	0,00889	1	23393	2,34E+04	UP
AT1G52690.1	7111,18	6	1	1	1	103194	173781	114573	0,013487	1	130516	1,31E+05	UP
AT5G64120.1	3779,77	10	9530	12660	15799	59305	39680	58928	0,009572	12663	52638	4,16E+00	UP
AT3G53990.1	7427,57	4	1	1	1	27590	46182	29422	0,014164	1	34398	3,44E+04	UP
AT3G10920.2	2426,87	2	22175	21256	28129	55028	51032	43961	0,00206	23853	50007	2,10E+00	UP
AT3G49120.1	12731,65	20	130617	155212	155119	452288	296136	387369	0,016354	146983	378598	2,58E+00	UP
AT3G01420.1	4949,32	23	31649	32389	34215	123340	149035	80223	0,025782	32751	117533	3,59E+00	UP
AT3G49110.1	5146,42	12	1	1	1	7590	6049	8665	0,005135	1	7435	7,43E+03	UP
AT1G62660.1	7307,27	23	177293	157347	200370	313192	235574	311256	0,016878	178337	286674	1,61E+00	UP
AT4G16260.1	16623,14	20	118869	149739	134347	306337	288907	341095	0,000786	134318	312113	2,32E+00	UP
AT3G04720.1	6185,52	5	38653	63755	61148	165825	155250	196448	0,001235	54519	172508	3,16E+00	UP
AT4G19810.1	1434,48	6	1948	1920	2029	32438	44318	48814	0,007332	1966	41857	2,13E+01	UP
AT1G73260.1	10981,01	13	235311	245042	217468	663326	403535	433187	0,040676	232607	500016	2,15E+00	UP
AT1G55020.1	804,20	5	5778	5059	6438	8706	10506	8380	0,008668	5758	9197	1,60E+00	UP
AT5G62530.1	686,26	9	12253	11119	13404	36418	24083	25272	0,024885	12259	28591	2,33E+00	UP

AT2G25450.1	3785,24	9	27397	33898	31882	143681	112712	107769	0,006588	31059	121387	3,91E+00	UP
AT3G12500.1	5949,54	9	18839	20782	22262	154686	85647	131279	0,01809	20628	123871	6,01E+00	UP
AT5G14780.1	1215,65	8	5854	7559	6637	57765	55890	34264	0,014726	6683	49307	7,38E+00	UP
AT4G23670.1	14653,79	14	218150	195682	204693	375275	337964	265578	0,029871	206175	326272	1,58E+00	UP
AT4G34180.1	2424,34	7	43573	56025	51957	84223	74175	87367	0,002236	50518	81922	1,62E+00	UP
AT1G47128.1	3637,90	11	100600	117835	140221	216363	207721	262596	0,00431	119552	228893	1,91E+00	UP
AT4G11650.1	2023,27	5	6228	10703	6954	65296	66360	89544	0,006101	7961	73734	9,26E+00	UP
AT5G58070.1	1165,22	3	6499	8023	10382	26805	23776	23481	0,000231	8301	24687	2,97E+00	UP
AT3G56310.2	1653,33	5	45305	45163	57900	72084	66157	84268	0,012053	49456	74170	1,50E+00	UP
AT3G56240.1	23375,36	11	188622	182150	184114	252157	286227	325170	0,019289	184962	287851	1,56E+00	UP
AT1G23190.1	2581,67	21	48645	48960	47753	82827	64573	80367	0,020117	48453	75922	1,57E+00	UP
AT4G21580.2	336,92	2	9535	9189	9672	17929	12798	14293	0,033371	9465	15007	1,59E+00	UP
AT3G12580.1	11947,09	35	64676	60081	56803	89557	103116	96810	0,001613	60520	96494	1,59E+00	UP
AT3G14990.1	10944,89	23	161975	147189	133680	236986	232450	239129	0,00301	147615	236188	1,60E+00	UP
AT3G52880.1	1829,53	9	34723	43314	31961	51130	62607	62521	0,006413	36666	58753	1,60E+00	UP
AT5G48480.1	1776,09	3	26975	28656	27807	48916	45840	39075	0,012987	27813	44610	1,60E+00	UP
AT3G22200.1	5491,54	22	85744	73357	82400	143363	113623	130576	0,008851	80500	129187	1,60E+00	UP
AT2G36460.1	13715,01	23	34149	39996	30829	62203	52958	53406	0,003244	34991	56189	1,61E+00	UP
AT5G60360.1	1151,51	3	20520	23223	22663	36033	32276	42130	0,014257	22135	36813	1,66E+00	UP
AT5G20980.1	5134,43	22	15697	16207	15584	24264	29906	25756	0,011172	15829	26642	1,68E+00	UP
AT1G70730.1	801,03	9	7758	8698	8181	13075	13479	15671	0,00584	8212	14075	1,71E+00	UP
AT5G53560.1	5786,60	4	19620	19588	21406	41362	33639	31276	0,016822	20205	35426	1,75E+00	UP
AT3G61440.1	892,30	2	49733	47118	47446	101417	80559	74172	0,02208	48099	85383	1,78E+00	UP
AT3G46520.1	8849,55	17	88425	103545	101356	160482	171817	191264	0,002333	97775	174521	1,78E+00	UP
AT2G42790.1	547,97	3	18447	17402	16991	32040	34613	29370	0,003568	17613	32008	1,82E+00	UP
AT1G11910.1	7703,60	25	122391	122184	138449	272105	187182	241931	0,022639	127675	233739	1,83E+00	UP
AT3G10740.1	1584,62	13	54469	55391	61561	110819	81863	123308	0,027505	57140	105330	1,84E+00	UP

AT3G48000.1	853,58	5	29041	32140	28369	45225	61131	61679	0,017523	29850	56012	1,88E+00	UP
AT2G40010.1	7563,17	8	29080	33927	30900	47351	61536	68866	0,020887	31302	59251	1,89E+00	UP
AT1G58270.1	3068,21	6	40654	42088	47633	97640	71244	108931	0,021835	43458	92605	2,13E+00	UP
AT3G44310.1	1954,67	5	15704	22386	17042	37499	34172	46315	0,006676	18378	39329	2,14E+00	UP
AT4G16760.2	675,78	4	13775	12076	13671	29266	26753	30897	0,000877	13174	28972	2,20E+00	UP
AT1G78850.1	8320,82	21	93700	108389	102976	182428	245791	263356	0,015666	101688	230525	2,27E+00	UP
AT1G62290.1	2596,63	4	2343	2557	2325	9389	5368	6706	0,028138	2408	7154	2,97E+00	UP
AT3G45010.1	661,55	3	3610	3982	4483	8523	12010	16318	0,032683	4025	12284	3,05E+00	UP
AT1G74020.1	2273,60	6	22628	23191	20240	91053	64555	87403	0,009114	22020	81003	3,68E+00	UP
AT4G01610.1	1443,67	7	21242	19932	25732	61871	83036	101628	0,016187	22302	82178	3,68E+00	UP
AT4G34230.1	1660,46	7	22324	22696	16185	94710	61024	77874	0,011623	20402	77869	3,82E+00	UP
AT1G77120.1	2664,28	14	28725	50412	16070	148658	88155	137650	0,010335	31736	124821	3,93E+00	UP
AT2G16005.1	8738,79	6	23397	22611	18780	129962	86112	100419	0,010889	21596	105498	4,89E+00	UP
AT5G66170.1	2664,22	6	20678	15853	18396	99872	115372	119892	0,001436	18309	111712	6,10E+00	UP
AT5G41040.2	456,12	2	3392	1792	1618	8902	21672	21262	0,033681	2267	17279	7,62E+00	UP
AT5G28510.1	665,02	4	1	1	1	10543	12922	19785	0,017505	1	14417	1,44E+04	UP
AT5G13850.1	11409,92	4	1	1	1	16973	13440	16355	0,002424	1	15589	1,56E+04	UP
AT2G19900.1	1287,57	2	1	1	1	19121	15914	16006	0,001909	1	17014	1,70E+04	UP
AT5G52310.1	1043,08	9	1	1	1	79874	71776	72669	0,000587	1	74773	7,48E+04	UP
AT3G01290.1	4164,89	9	33642	43569	48729	5864	27898	10770	0,017164	41980	14844	3,54E-01	DOWN
AT2G21660.1	34944,25	10	128006	145823	143443	57151	57370	77768	0,000624	139091	64097	4,61E-01	DOWN
AT2G47130.1	470,47	2	3436	6677	5189	1393	2057	2261	0,033417	5100	1904	3,73E-01	DOWN
AT1G30580.1	3457,21	19	76565	64936	62484	53089	47413	31849	0,021308	67995	44117	6,49E-01	DOWN
AT5G04430.2	1470,11	7	20575	27194	24705	16854	11771	18801	0,02157	24158	15809	6,54E-01	DOWN
AT5G64100.1	18717,97	19	316494	326602	342684	123696	192380	220796	0,014251	328593	178957	5,45E-01	DOWN
AT4G30170.1	11640,87	23	165527	167989	186957	73679	89881	120767	0,007784	173491	94776	5,46E-01	DOWN
AT5G67400.1	1310,54	7	33468	23879	34478	12315	21173	25048	0,047097	30609	19512	6,37E-01	DOWN

AT2G37130.2	805,21	3	21818	24889	23691	2575	8976	9078	0,004138	23466	6876	2,93E-01	DOWN
AT1G05240.1	1603,06	5	19284	23409	21783	7418	16575	15316	0,041676	21492	13103	6,10E-01	DOWN
AT2G43100.1	3035,25	5	16944	22140	19741	3377	4562	6372	0,001295	19608	4770	2,43E-01	DOWN
AT3G13790.2	765,82	6	31827	30246	32031	18060	13542	21938	0,012847	31368	17847	5,69E-01	DOWN
AT3G07320.1	491,04	2	23450	15465	15656	3701	8112	12263	0,024114	18190	8025	4,41E-01	DOWN
AT1G66270.1	9813,75	37	188791	136797	162949	68355	69177	80921	0,010342	162845	72818	4,47E-01	DOWN
AT1G30760.1	977,65	7	1092	1374	1361	1	1	1	0,002579	1276	1	0,000783904	DOWN
AT3G53990.2	7446,11	4	16603	38600	35549	1	1	1	0,02402	30250	1	3,30577E-05	DOWN
AT3G11940.1	10770,93	11	87313	84984	87455	1	1	1	4,28E-05	86584	1	1,15495E-05	DOWN
AT3G29250.2	940,20	2	16482	25281	24076	9137	5767	7980	0,012253	21946	7628	3,48E-01	DOWN
AT1G22530.1	4449,08	33	111828	110111	108666	37662	35368	45868	0,000509	110202	39633	3,60E-01	DOWN
AT3G53230.1	2920,78	28	53433	53464	53293	18979	24222	19087	0,001389	53397	20762	3,89E-01	DOWN
AT1G48920.1	1359,21	12	6822	5981	7884	1651	3030	4002	0,005701	6896	2894	4,20E-01	DOWN
AT4G25630.1	5856,67	15	48392	29120	35170	13033	19068	17936	0,027683	37561	16679	4,44E-01	DOWN
AT3G01190.1	4383,66	16	87372	99330	114407	36186	45292	53659	0,003257	100370	45046	4,49E-01	DOWN
AT5G52920.1	462,40	3	39230	40410	34232	7133	22654	21632	0,019984	37957	17140	4,52E-01	DOWN
AT3G27740.2	652,18	2	16954	17790	18292	10710	6435	7315	0,006291	17679	8153	4,61E-01	DOWN
AT3G44750.2	2997,36	5	24669	21604	37427	14320	13070	13505	0,048866	27900	13632	4,89E-01	DOWN
AT1G77940.1	14363,92	7	79811	61419	82124	22401	59632	28014	0,030959	74451	36682	4,93E-01	DOWN
AT3G13460.1	299,16	3	11381	16094	13046	4784	6984	8867	0,011333	13507	6878	5,09E-01	DOWN
AT2G25980.1	855,28	2	23373	30339	31379	12609	14360	16480	0,009129	28364	14483	5,11E-01	DOWN
AT3G54960.1	570,68	2	11161	14093	13511	8489	4284	7034	0,00862	12921	6602	5,11E-01	DOWN
AT3G06300.1	1121,32	4	29422	30277	31513	17042	12175	18417	0,005359	30404	15878	5,22E-01	DOWN
AT5G39320.1	1677,87	9	43064	45303	44457	20750	22661	27583	0,002793	44275	23665	5,34E-01	DOWN
AT5G48230.1	2661,31	7	79292	81083	82847	18814	53137	59230	0,048116	81074	43727	5,39E-01	DOWN
AT3G15950.1	4259,48	40	184341	188238	195734	107833	111113	91976	0,000411	189438	103640	5,47E-01	DOWN
AT1G36240.1	14027,44	6	31392	24158	32302	11421	25471	11430	0,043705	29284	16108	5,50E-01	DOWN

AT1G48630.1	2361,34	14	29660	38207	30419	11533	23555	19431	0,016819	32762	18173	5,55E-01	DOWN
AT5G20920.2	2204,39	7	21040	13606	15338	5470	12206	10224	0,035706	16661	9300	5,58E-01	DOWN
AT2G37170.1	2568,32	2	115472	99608	138641	30141	85981	81610	0,041013	117907	65910	5,59E-01	DOWN
AT2G30930.1	3730,61	3	27832	26859	18833	19138	10855	11317	0,026036	24508	13770	5,62E-01	DOWN
AT3G08030.1	2145,58	8	10737	12115	12089	7444	6632	5731	0,000866	11647	6602	5,67E-01	DOWN
AT5G62690.1	14090,56	31	149129	156859	137529	90804	85895	80027	0,000983	147839	85575	5,79E-01	DOWN
AT1G73230.1	2803,26	4	23310	24167	27293	9310	16859	17258	0,01934	24923	14476	5,81E-01	DOWN
AT3G11400.2	656,66	3	26339	31904	31657	13247	23837	15984	0,020053	29967	17689	5,90E-01	DOWN
AT2G31610.1	5306,07	15	84623	76504	80949	47976	56166	39971	0,004366	80692	48038	5,95E-01	DOWN
AT1G66200.1	8127,56	19	91349	100376	109734	57156	62084	60388	0,006028	100487	59876	5,96E-01	DOWN
AT5G12250.1	9653,78	27	20437	21097	17669	12974	10890	11465	0,002856	19734	11776	5,97E-01	DOWN
AT4G10480.1	9480,15	8	56111	67179	66287	24757	47495	41258	0,022454	63192	37837	5,99E-01	DOWN
AT2G37620.1	8400,98	20	20703	28855	23917	12767	18688	14211	0,019561	24492	15222	6,22E-01	DOWN
AT1G17880.1	2892,27	6	31625	32985	34009	17736	21104	23159	0,003901	32873	20666	6,29E-01	DOWN
AT5G35630.1	1365,63	6	49072	50555	51731	26988	26757	41596	0,029719	50453	31780	6,30E-01	DOWN
AT4G12420.1	460,81	3	21460	18048	17606	11685	10890	13607	0,006201	19038	12061	6,34E-01	DOWN
AT2G19760.1	11898,69	9	202539	182997	211840	131034	102780	145154	0,005767	199125	126323	6,34E-01	DOWN
AT1G68560.1	540,33	5	29377	28288	28049	14715	15701	24093	0,035188	28571	18170	6,36E-01	DOWN
AT1G49240.1	14376,79	29	376139	329110	352442	200117	230752	244383	0,001255	352564	225084	6,38E-01	DOWN
AT5G43940.1	2911,05	12	74494	72358	83456	49959	45734	51665	0,002731	76769	49119	6,40E-01	DOWN
AT5G44340.1	12470,38	28	91833	94452	83216	55446	56343	61068	0,001773	89834	57619	6,41E-01	DOWN
AT3G54470.1	555,99	4	16994	19901	16574	7626	14435	12525	0,035191	17823	11529	6,47E-01	DOWN
AT3G59760.3	1911,88	10	25790	28098	26908	13476	18836	20396	0,018301	26932	17570	6,52E-01	DOWN
AT4G37910.1	1818,08	17	34298	47905	36333	27588	21889	28444	0,033327	39512	25973	6,57E-01	DOWN
AT3G45030.1	9748,38	7	125903	105365	109433	55810	85312	83740	0,017573	113567	74954	6,60E-01	DOWN
AT5G57870.1	617,80	6	21831	22016	19034	11386	17912	12364	0,0275	20960	13887	6,63E-01	DOWN
AT1G70310.1	1036,78	5	18122	17556	18867	9471	12497	14176	0,019413	18182	12048	6,63E-01	DOWN

AT1G72150.1	2087,37	12	61894	69667	64721	38854	40718	50568	0,005374	65427	43380	6,63E-01	DOWN
AT3G09200.1	11550,26	13	133526	155781	141884	83860	101928	101555	0,002828	143730	95781	6,66E-01	DOWN
AT1G65970.1	4120,37	8	30455	33926	28038	53865	34397	48176	0,058338	30806	45480	1,48E+00	UNCHANGED
AT4G11290.1	5534,05	13	62762	73468	69766	61051	36744	62624	0,101914	68665	53473	7,79E-01	UNCHANGED
AT1G20620.2	7026,31	18	128053	107356	121120	134981	113052	114158	0,42524	118843	120730	1,02E+00	UNCHANGED
AT5G14200.2	2117,08	9	21660	36032	26158	12547	28930	16491	0,128607	27950	19322	6,91E-01	UNCHANGED
AT1G12240.1	1842,35	6	23842	26712	27280	34864	26384	33968	0,076221	25945	31739	1,22E+00	UNCHANGED
AT3G26720.1	445,44	5	16235	16810	17830	24705	17304	22452	0,084919	16959	21487	1,27E+00	UNCHANGED
AT2G38540.1	3546,43	2	17424	23404	25778	13775	81284	30461	0,217882	22202	41840	1,88E+00	UNCHANGED
AT1G66280.1	10185,25	38	245184	144310	182665	179943	156325	158340	0,237478	190720	164870	8,64E-01	UNCHANGED
AT3G09260.1	21920,75	37	797121	618741	641663	714288	594213	669999	0,357121	685842	659500	9,62E-01	UNCHANGED
AT1G20450.2	1912,14	5	3156	1170	1305	4533	26072	21002	0,070597	1877	17202	9,17E+00	UNCHANGED
AT1G76180.1	5475,76	10	65408	33497	36166	42570	86321	76590	0,118999	45023	68494	1,52E+00	UNCHANGED
AT1G13930.1	10882,80	10	36128	47988	54637	56115	198409	87022	0,128553	46251	113849	2,46E+00	UNCHANGED
AT4G08780.1	5349,92	20	6965	8463	8227	5871	6865	6487	0,032883	7885	6408	8,13E-01	UNCHANGED
AT4G08770.1	23236,51	24	130043	132720	137683	139248	130167	151099	0,19448	133482	140171	1,05E+00	UNCHANGED
AT5G20950.1	1101,60	11	37264	34213	42718	25179	24866	32122	0,018026	38065	27389	7,20E-01	UNCHANGED
AT1G70850.1	4201,73	17	220236	253141	217708	192764	198854	157173	0,026372	230362	182930	7,94E-01	UNCHANGED
AT3G26450.1	4849,97	7	42539	36449	37734	51904	49610	57264	0,004807	38907	52926	1,36E+00	UNCHANGED
AT3G48990.1	3996,30	20	80819	85543	98095	125104	122288	132799	0,002877	88153	126730	1,44E+00	UNCHANGED
AT4G39090.1	1053,48	3	19844	21531	18326	27164	24021	36158	0,05957	19900	29114	1,46E+00	UNCHANGED
AT5G38940.1	9455,75	4	31490	36964	42876	81926	43540	71178	0,060739	37110	65548	1,77E+00	UNCHANGED
AT1G33590.1	867,83	3	8132	9386	8228	10506	8747	10664	0,071284	8582	9973	1,16E+00	UNCHANGED
AT1G02930.1	7065,15	11	3417	3342	2216	12490	37113	12021	0,084053	2992	20541	6,87E+00	UNCHANGED
AT2G01530.1	24150,34	14	233156	220642	248854	169239	220184	216483	0,089316	234218	201969	8,62E-01	UNCHANGED
AT4G02520.1	26256,41	18	75302	62115	69054	106203	355013	149813	0,110293	68823	203677	2,96E+00	UNCHANGED
AT1G20440.1	8480,24	13	88245	28029	60835	39946	314055	202100	0,125201	59036	185367	3,14E+00	UNCHANGED

AT2G43910.1	11058,39	9	128464	104943	139668	141708	140768	138914	0,12784	124358	140463	1,13E+00	UNCHANGED
AT1G28290.2	3164,29	7	131960	95166	92872	17653	94272	91078	0,12984	106666	67667	6,34E-01	UNCHANGED
AT3G12490.1	1384,27	3	18140	27893	18739	17428	44912	30808	0,179668	21591	31049	1,44E+00	UNCHANGED
AT1G02920.1	7939,26	15	19288	24862	15705	17358	88714	24952	0,202279	19952	43675	2,19E+00	UNCHANGED
AT5G38930.1	6816,41	2	20411	21999	38855	38914	38303	23365	0,227922	27088	33527	1,24E+00	UNCHANGED
AT1G20620.4	4556,66	16	50358	44789	47724	69926	67743	65549	0,000391	47624	67739	1,42E+00	UNCHANGED
AT5G12110.1	4425,22	7	1689	1212	1944	40711	14311	19032	0,052425	1615	24685	1,53E+01	UNCHANGED
AT2G17630.1	3765,05	15	28070	33775	31602	22234	16992	23066	0,007622	31149	20764	6,67E-01	UNCHANGED
AT3G24503.1	1178,43	13	30759	34140	35204	25150	21141	20886	0,002341	33367	22392	6,71E-01	UNCHANGED
AT5G66510.1	2314,25	9	31655	36487	34600	25850	21769	21707	0,002387	34247	23109	6,75E-01	UNCHANGED
AT1G06030.1	5966,12	13	9981	8931	8727	6551	5645	6482	0,002262	9213	6226	6,76E-01	UNCHANGED
AT3G08900.1	3186,52	9	6904	6626	7041	4515	4843	4636	0,000103	6857	4665	6,80E-01	UNCHANGED
AT1G20630.1	2265,83	6	10924	9112	10212	7062	6567	6962	0,009656	10083	6864	6,81E-01	UNCHANGED
AT1G56340.2	7031,52	20	115518	109025	104466	77098	63693	83775	0,006508	109670	74855	6,83E-01	UNCHANGED
AT1G07750.1	2286,73	7	31923	35917	33320	18304	21820	29150	0,03289	33720	23091	6,85E-01	UNCHANGED
AT1G49760.1	886,50	13	19633	26080	19656	13818	16683	14532	0,035791	21790	15011	6,89E-01	UNCHANGED
AT4G39660.1	1476,11	6	29499	27847	26717	16225	18377	23558	0,022317	28021	19386	6,92E-01	UNCHANGED
AT3G12110.1	9414,96	20	58367	71434	81988	49927	46955	50356	0,042179	70596	49079	6,95E-01	UNCHANGED
AT5G35360.1	1759,28	13	43807	36606	37760	22574	31578	28121	0,013266	39391	27424	6,96E-01	UNCHANGED
AT5G14030.1	2426,63	3	73509	52242	61588	42413	45885	42983	0,044669	62447	43760	7,01E-01	UNCHANGED
AT2G02010.1	2836,91	5	77183	92828	90411	57342	59568	65655	0,008989	86807	60855	7,01E-01	UNCHANGED
AT2G41220.1	248,97	5	19758	16584	17164	10100	14312	13513	0,018082	17835	12642	7,09E-01	UNCHANGED
AT5G19510.1	12627,47	12	175060	196525	189590	121534	119899	157175	0,014373	187059	132870	7,10E-01	UNCHANGED
AT1G64230.4	8674,69	3	101119	80784	88808	62550	58458	71889	0,013792	90237	64299	7,13E-01	UNCHANGED
AT5G26260.1	7625,80	21	118634	100746	112444	76463	73460	87630	0,005357	110608	79184	7,16E-01	UNCHANGED
AT3G13860.1	346,32	2	8048	9374	7897	5269	5959	6949	0,012263	8440	6059	7,18E-01	UNCHANGED
AT5G26280.1	10156,26	21	212621	211476	238317	171365	149852	160412	0,003361	220805	160543	7,27E-01	UNCHANGED

AT1G07370.1	1059,77	4	30495	35809	33625	26409	19819	26528	0,016929	33310	24252	7,28E-01	UNCHANGED
AT2G43090.1	4875,68	12	43008	39968	43826	28002	27754	36662	0,022309	42267	30806	7,29E-01	UNCHANGED
AT4G39980.1	443,95	4	20888	19374	19155	12886	15981	14443	0,005631	19806	14437	7,29E-01	UNCHANGED
AT1G04820.1	14146,50	28	213568	226986	209731	148096	157347	168781	0,00096	216762	158074	7,29E-01	UNCHANGED
AT1G24360.1	1649,71	4	29636	29080	26506	20094	20789	21481	0,003893	28407	20788	7,32E-01	UNCHANGED
AT5G20720.1	4329,71	16	61191	67791	67749	48626	42550	54131	0,008748	65577	48436	7,39E-01	UNCHANGED
AT5G07350.1	536,91	9	19478	19213	17626	14673	13815	13115	0,001592	18773	13868	7,39E-01	UNCHANGED
AT5G49460.1	1323,28	13	33433	33353	33393	22809	24644	26847	0,008896	33393	24767	7,42E-01	UNCHANGED
AT5G19770.1	9599,45	24	110956	115981	113248	82549	88161	82128	0,000213	113395	84279	7,43E-01	UNCHANGED
AT1G24180.1	2352,15	11	49138	49624	51379	42324	34314	35305	0,014999	50047	37314	7,46E-01	UNCHANGED
AT1G09780.1	3373,29	30	145452	169073	164215	93609	122515	141148	0,040159	159580	119091	7,46E-01	UNCHANGED
AT2G27710.1	15239,26	8	135657	145178	154791	91045	113838	120954	0,017393	145209	108613	7,48E-01	UNCHANGED
AT3G22850.1	1040,39	4	41190	43020	43505	29497	31080	35613	0,009288	42572	32063	7,53E-01	UNCHANGED
AT1G21750.1	5213,65	33	91118	109599	105656	85057	61716	84675	0,032348	102124	77149	7,55E-01	UNCHANGED
AT1G16470.1	1405,17	7	49024	53914	52512	35078	35951	46602	0,030693	51817	39211	7,57E-01	UNCHANGED
AT2G05840.2	1018,85	4	18331	16596	20421	13350	13597	14958	0,019516	18449	13968	7,57E-01	UNCHANGED
AT3G17390.1	9771,83	24	146484	129983	168287	133084	94792	108964	0,042196	148251	112280	7,57E-01	UNCHANGED
AT1G63000.1	2908,13	13	77029	77178	81214	58436	52864	67786	0,019831	78474	59696	7,61E-01	UNCHANGED
AT3G12390.1	10184,86	7	181809	172114	191697	151326	119825	145816	0,014003	181873	138989	7,64E-01	UNCHANGED
AT3G58510.1	813,03	10	23921	24521	24940	21244	15426	19461	0,037538	24460	18710	7,65E-01	UNCHANGED
AT5G26320.1	1365,22	3	27036	21126	21689	18654	16575	18212	0,04429	23284	17814	7,65E-01	UNCHANGED
AT2G35120.1	2331,90	3	55794	60829	69460	47635	53467	41349	0,026426	62027	47483	7,66E-01	UNCHANGED
AT3G62830.1	606,81	5	13879	13186	15506	11670	10544	10570	0,011925	14190	10928	7,70E-01	UNCHANGED
AT5G51830.1	717,97	2	8992	10425	9468	8014	6421	7841	0,014967	9628	7425	7,71E-01	UNCHANGED
AT3G19450.1	3620,24	11	82205	70543	80327	67294	55643	56868	0,013226	77692	59935	7,71E-01	UNCHANGED
AT5G42020.1	9797,74	33	89477	78168	78065	60646	58785	71134	0,013562	81903	63522	7,76E-01	UNCHANGED
AT5G11670.1	17593,68	36	241512	213131	239492	186752	172372	179454	0,008395	231378	179526	7,76E-01	UNCHANGED

AT1G01620.1	1190,32	3	114043	108906	123337	75588	106028	89062	0,042693	115429	90226	7,82E-01	UNCHANGED
AT2G46280.1	1585,85	8	28319	26311	29060	20078	19663	25872	0,039578	27897	21871	7,84E-01	UNCHANGED
AT5G20010.1	12987,21	15	171758	160550	162002	111846	148851	126929	0,034237	164770	129208	7,84E-01	UNCHANGED
AT1G14810.1	2116,72	11	38923	44390	37698	28459	30083	36590	0,028788	40337	31711	7,86E-01	UNCHANGED
AT3G07770.1	293,26	2	20434	21613	17063	15512	15955	15208	0,044885	19703	15558	7,90E-01	UNCHANGED
AT1G79930.2	1926,14	25	28295	33393	29372	25597	22901	23419	0,017502	30353	23972	7,90E-01	UNCHANGED
AT3G16640.1	17506,17	10	203445	206151	205344	165880	145501	177459	0,022543	204980	162947	7,95E-01	UNCHANGED
AT1G63940.1	4381,92	21	118718	128884	112593	102945	80139	103495	0,032532	120065	95526	7,96E-01	UNCHANGED
AT2G01520.1	35285,86	19	587041	548171	629044	464012	457218	483953	0,012981	588085	468394	7,96E-01	UNCHANGED
AT3G06650.1	1662,02	14	36870	36783	36826	27080	29259	31874	0,016549	36826	29404	7,98E-01	UNCHANGED
AT5G54500.1	12312,32	12	154851	144726	170240	110036	131206	135433	0,022742	156606	125558	8,02E-01	UNCHANGED
AT4G13930.1	12728,66	36	200517	194362	202366	150530	153997	174698	0,012954	199081	159742	8,02E-01	UNCHANGED
AT3G55410.1	373,27	3	16616	13638	13556	12632	11677	11305	0,04927	14603	11871	8,13E-01	UNCHANGED
AT2G36880.1	10357,91	26	280131	243087	230988	224543	184054	206996	0,036905	251402	205198	8,16E-01	UNCHANGED
AT1G79530.1	4218,93	14	138011	127106	142287	106146	99731	127052	0,037515	135801	110976	8,17E-01	UNCHANGED
AT2G38700.1	567,93	2	38772	34092	35860	25658	29604	33808	0,044788	36241	29690	8,19E-01	UNCHANGED
AT5G37510.1	1005,51	12	75595	65524	72351	57148	67051	51229	0,046661	71157	58476	8,22E-01	UNCHANGED
AT5G18170.1	3538,04	7	15662	13356	13841	10883	11470	12897	0,026425	14286	11750	8,22E-01	UNCHANGED
AT2G45710.1	16059,87	5	169470	144751	168369	137615	120820	140570	0,027743	160863	133001	8,27E-01	UNCHANGED
AT4G14880.1	7974,11	16	187750	206724	206874	148303	173830	175521	0,019085	200450	165884	8,28E-01	UNCHANGED
AT5G42790.1	1138,61	6	22782	23247	21761	17617	17622	20884	0,027327	22597	18708	8,28E-01	UNCHANGED
AT1G26630.1	9801,50	13	277869	288302	268971	252369	229232	211445	0,019789	278381	231015	8,30E-01	UNCHANGED
AT3G16420.1	33099,22	22	663453	662521	658528	545031	524163	589524	0,014723	661500	552906	8,36E-01	UNCHANGED
AT1G48030.1	2943,97	16	42971	45818	47681	37827	38290	40972	0,011114	45490	39030	8,58E-01	UNCHANGED
AT3G16410.1	8227,60	27	47254	44080	48507	37944	39119	43234	0,018351	46614	40099	8,60E-01	UNCHANGED
AT4G26970.1	2526,48	27	94997	98038	95177	82076	77000	90261	0,035256	96071	83112	8,65E-01	UNCHANGED
AT5G43830.1	2693,14	4	58132	59755	53469	50663	46919	51878	0,020594	57119	49820	8,72E-01	UNCHANGED

AT1G27450.2	5729,65	4	59516	65833	56084	56190	50055	52021	0,048229	60478	52755	8,72E-01	UNCHANGED
AT5G42980.1	21117,81	12	211900	219301	220603	189425	205127	184339	0,021974	217268	192964	8,88E-01	UNCHANGED
AT5G46290.1	1825,07	16	77352	82297	74854	69878	66898	73789	0,027424	78168	70188	8,98E-01	UNCHANGED
AT1G04410.1	43285,00	22	578582	629493	613892	533955	522336	583994	0,034777	607322	546762	9,00E-01	UNCHANGED
AT3G52930.1	30517,35	28	523420	494361	489143	576577	556922	536161	0,013415	502308	556553	1,11E+00	UNCHANGED
AT5G50850.1	3352,15	7	52913	61260	58995	69331	60370	67678	0,048066	57723	65793	1,14E+00	UNCHANGED
AT3G53260.1	515,42	3	13200	15060	13316	16785	15143	15536	0,033833	13859	15821	1,14E+00	UNCHANGED
AT2G47510.1	1291,72	13	92554	93847	92706	105435	106665	119344	0,029042	93036	110481	1,19E+00	UNCHANGED
AT3G29360.1	1293,74	10	23058	19900	20766	24514	25205	26121	0,016292	21241	25280	1,19E+00	UNCHANGED
ATCG00480.1	1327,57	2	5876	7089	6341	8629	7287	7314	0,042717	6435	7743	1,20E+00	UNCHANGED
AT5G17380.1	683,94	4	19335	21360	16708	22080	22043	25152	0,042179	19134	23092	1,21E+00	UNCHANGED
AT1G08200.1	968,11	4	16347	13005	14554	18457	18798	15787	0,044012	14635	17681	1,21E+00	UNCHANGED
AT4G29010.1	639,83	3	24811	25104	24570	32190	27167	31529	0,036307	24828	30295	1,22E+00	UNCHANGED
AT5G66760.1	1910,11	17	45002	53247	48350	58885	62956	59434	0,011464	48866	60425	1,24E+00	UNCHANGED
AT1G47420.1	1913,40	7	20113	21344	22834	26920	27709	25047	0,00501	21430	26559	1,24E+00	UNCHANGED
AT5G03290.1	1472,73	9	32056	36220	36349	43414	48322	38622	0,036429	34875	43452	1,25E+00	UNCHANGED
AT4G27270.1	6848,68	7	6121	7172	8054	9762	7981	9327	0,034739	7116	9023	1,27E+00	UNCHANGED
AT3G03250.1	3838,43	20	55345	56737	57122	67725	76209	70905	0,010688	56401	71613	1,27E+00	UNCHANGED
AT4G35090.1	5061,30	18	129078	102313	108610	147866	140420	144652	0,026743	113334	144313	1,27E+00	UNCHANGED
AT3G15020.2	10229,63	14	19522	21767	20298	28082	22588	28494	0,039216	20529	26388	1,29E+00	UNCHANGED
AT3G02360.2	2473,77	16	48846	52607	50491	66596	69562	60784	0,008344	50648	65647	1,30E+00	UNCHANGED
AT4G31990.1	1727,32	14	28388	30044	27340	38564	41707	31871	0,042413	28590	37381	1,31E+00	UNCHANGED
AT5G43330.1	27133,13	19	29385	29703	28752	42820	32902	39465	0,043691	29280	38396	1,31E+00	UNCHANGED
AT2G22780.1	1585,73	8	34490	37143	33977	44214	49257	47052	0,002137	35203	46841	1,33E+00	UNCHANGED
AT3G24170.1	673,21	7	55055	58357	50819	66444	78693	73499	0,009056	54744	72878	1,33E+00	UNCHANGED
AT1G19570.1	10322,23	18	118536	105228	109283	166158	150882	127771	0,032973	111016	148270	1,34E+00	UNCHANGED
AT3G52990.2	938,20	3	14997	16747	13160	23561	18877	18097	0,036138	14968	20179	1,35E+00	UNCHANGED

AT1G11840.2	6643,36	16	108346	99135	92609	144731	129443	130473	0,003345	100030	134882	1,35E+00	UNCHANGED
AT1G02500.1	10638,55	25	88772	100415	97727	140215	119901	126967	0,007052	95638	129028	1,35E+00	UNCHANGED
AT4G39730.1	6561,54	4	77749	88380	87409	128568	98514	115038	0,030847	84513	114040	1,35E+00	UNCHANGED
AT2G22170.1	11786,51	8	172525	216527	194206	285292	241236	269483	0,008632	194419	265337	1,36E+00	UNCHANGED
AT1G47250.1	1345,34	6	9391	9156	9460	13241	11355	14710	0,029645	9336	13102	1,40E+00	UNCHANGED
AT2G21620.1	2689,65	8	21678	28577	33998	47408	36735	34631	0,048752	28084	39591	1,41E+00	UNCHANGED
AT1G69410.1	945,94	4	41873	39519	43277	68719	51307	55993	0,037729	41557	58673	1,41E+00	UNCHANGED
AT5G19440.1	1244,91	5	15653	13230	18357	26286	19236	21363	0,034723	15747	22295	1,42E+00	UNCHANGED
AT1G55060.1	3806,64	7	11099	9943	11251	15351	15716	14701	0,000697	10764	15256	1,42E+00	UNCHANGED
AT1G03220.1	8900,57	22	246516	260975	225225	298360	368193	373369	0,018003	244239	346640	1,42E+00	UNCHANGED
AT5G03690.2	10729,39	12	91436	94419	90381	113026	135809	143885	0,025024	92079	130907	1,42E+00	UNCHANGED
AT4G34050.1	14116,94	21	118430	121230	127655	170124	189831	174676	0,00219	122439	178210	1,46E+00	UNCHANGED
AT4G37070.4	1072,74	6	46954	48713	47733	79592	61251	69403	0,025545	47800	70082	1,47E+00	UNCHANGED
AT2G38380.1	11895,34	15	199715	233111	276155	388981	283146	370291	0,02772	236327	347473	1,47E+00	UNCHANGED
AT5G43060.1	3695,42	10	96161	118983	113816	156326	145128	184157	0,013171	109653	161870	1,48E+00	UNCHANGED
AT5G54160.1	9443,19	24	113636	121418	124614	172243	180100	183411	0,000113	119889	178585	1,49E+00	UNCHANGED
AT4G35260.1	981,11	7	32474	32166	36154	19391	26836	29789	0,050487	33598	25339	7,54E-01	UNCHANGED
AT5G20630.1	2731,61	3	30475	24706	36435	26744	10117	15899	0,051372	30539	17587	5,76E-01	UNCHANGED
AT1G53580.1	2893,41	10	37129	32944	38683	45023	41575	55824	0,05291	36252	47474	1,31E+00	UNCHANGED
AT5G26360.1	299,00	2	24879	18524	20665	15966	18271	15460	0,053922	21356	16566	7,76E-01	UNCHANGED
AT3G63460.2	541,01	8	38289	33943	32329	28993	29927	32051	0,054471	34854	30323	8,70E-01	UNCHANGED
AT1G54010.1	7899,79	17	124058	125569	129965	183868	137980	168371	0,054617	126531	163406	1,29E+00	UNCHANGED
AT4G29840.1	947,57	7	35932	40754	39114	35435	29367	35372	0,05478	38600	33391	8,65E-01	UNCHANGED
AT3G22110.1	1090,92	4	24360	26415	25774	17776	24132	20146	0,054856	25516	20684	8,11E-01	UNCHANGED
AT3G16460.1	16097,20	32	421800	429052	442250	413865	338953	367490	0,054888	431034	373436	8,66E-01	UNCHANGED
AT1G80460.2	765,17	7	33299	32583	32029	11770	23561	26134	0,054944	32637	20488	6,28E-01	UNCHANGED
AT1G74030.1	1363,46	9	37175	45581	38140	28092	29644	38106	0,056247	40299	31947	7,93E-01	UNCHANGED

AT5G54810.1	2095,68	7	33060	31287	29755	32917	39096	41406	0,056401	31368	37806	1,21E+00	UNCHANGED
AT3G23810.1	8064,85	21	59588	47898	59802	59738	84148	79557	0,056539	55762	74481	1,34E+00	UNCHANGED
AT3G17820.1	1856,69	11	50700	53408	50249	59091	55554	67656	0,056669	51452	60767	1,18E+00	UNCHANGED
AT2G29550.1	10550,91	31	24951	26762	21019	19955	19199	20027	0,056689	24244	19727	8,14E-01	UNCHANGED
AT5G67500.1	3671,92	6	109719	101549	99747	106089	118539	119806	0,056795	103672	114811	1,11E+00	UNCHANGED
AT4G09320.1	16012,92	9	192886	174781	167173	151369	133925	169910	0,057377	178280	151735	8,51E-01	UNCHANGED
AT4G13850.4	6077,22	4	30920	27094	30497	10447	19564	25331	0,058196	29504	18447	6,25E-01	UNCHANGED
AT1G54270.1	5315,93	25	7264	7866	6687	8575	13494	10679	0,058968	7272	10916	1,50E+00	UNCHANGED
AT2G26080.1	546,09	6	21044	26422	24277	12411	18124	21593	0,059594	23914	17376	7,27E-01	UNCHANGED
AT4G33680.1	784,17	5	21577	21955	21845	18411	20247	20926	0,060447	21792	19861	9,11E-01	UNCHANGED
AT4G13430.1	3885,75	16	93136	110533	76784	65496	64821	79772	0,061086	93484	70030	7,49E-01	UNCHANGED
AT3G27380.1	707,19	4	35346	31581	36501	30379	26387	32696	0,061861	34476	29821	8,65E-01	UNCHANGED
AT1G23310.2	768,80	2	10388	12379	11100	24200	14416	17127	0,062269	11289	18581	1,65E+00	UNCHANGED
AT5G13450.1	2096,36	6	29903	56236	65909	75102	90682	64645	0,062982	50683	76810	1,52E+00	UNCHANGED
AT1G16030.1	7331,78	28	26188	28702	28948	22133	24911	26906	0,063755	27946	24650	8,82E-01	UNCHANGED
AT5G03300.1	17494,71	23	42635	48158	48376	39049	35239	44828	0,063768	46390	39705	8,56E-01	UNCHANGED
AT1G56410.1	12547,53	32	56682	53669	58465	58362	71713	66521	0,063973	56272	65532	1,16E+00	UNCHANGED
AT1G30230.1	3428,29	10	30027	45699	34094	18885	33034	21334	0,065222	36607	24418	6,67E-01	UNCHANGED
AT3G57490.1	10433,98	13	9081	13545	6097	101086	35598	42926	0,067214	9575	59870	6,25E+00	UNCHANGED
AT5G08530.1	1012,19	5	31259	32044	33169	20573	30584	18710	0,0675	32157	23289	7,24E-01	UNCHANGED
AT2G37190.1	12468,98	13	165733	152455	154376	152610	139308	123750	0,068321	157521	138556	8,80E-01	UNCHANGED
AT5G09590.1	1432,02	15	28717	31527	24377	21423	23274	25676	0,068541	28207	23458	8,32E-01	UNCHANGED
AT4G02930.1	5856,33	20	114342	104805	105528	102822	74105	90574	0,068614	108225	89167	8,24E-01	UNCHANGED
AT5G41670.1	1589,74	19	35386	36656	35369	20816	33727	25934	0,068744	35804	26826	7,49E-01	UNCHANGED
AT5G28020.1	718,13	3	6266	4583	4269	2632	3729	4314	0,069248	5039	3558	7,06E-01	UNCHANGED
AT4G01850.1	10526,76	25	132652	154632	153535	142661	94214	90957	0,069916	146940	109277	7,44E-01	UNCHANGED
AT2G37270.1	9128,74	11	92012	89558	92162	175888	305622	144389	0,070176	91244	208633	2,29E+00	UNCHANGED

AT5G52840.1	3629,27	5	13931	14797	14386	15784	22910	18987	0,070305	14372	19227	1,34E+00	UNCHANGED
AT5G03630.1	6163,44	23	103812	106549	106191	65119	86757	97716	0,072	105517	83197	7,88E-01	UNCHANGED
AT5G19550.1	3919,88	26	89662	93498	77061	129810	97298	101139	0,072118	86740	109416	1,26E+00	UNCHANGED
AT3G05530.1	1219,31	11	37615	49250	47372	37133	39404	33879	0,072796	44746	36805	8,23E-01	UNCHANGED
AT4G20860.1	406,14	2	11441	11883	12043	18238	15091	12837	0,073289	11789	15389	1,31E+00	UNCHANGED
AT2G18980.1	4377,63	17	25788	25193	28234	16441	20538	25310	0,07377	26405	20763	7,86E-01	UNCHANGED
AT1G09210.1	4031,91	20	53976	56322	59962	47624	38661	54250	0,073903	56753	46845	8,25E-01	UNCHANGED
AT1G29880.1	345,98	2	19421	17390	17258	13262	17721	14197	0,073951	18023	15060	8,36E-01	UNCHANGED
AT5G02500.1	16058,40	44	161403	152956	148554	118007	149692	135487	0,074869	154304	134395	8,71E-01	UNCHANGED
AT3G04120.1	33062,03	31	719973	533152	630375	793969	728279	709455	0,075866	627834	743901	1,18E+00	UNCHANGED
AT2G31390.1	13448,13	23	289909	256716	263230	242959	217792	262085	0,077327	269952	240946	8,93E-01	UNCHANGED
AT4G31700.1	6016,74	7	45104	27234	24113	20617	21274	12753	0,077448	32150	18215	5,67E-01	UNCHANGED
AT1G78860.1	5078,27	10	30258	36809	32877	21192	29565	30286	0,078192	33315	27014	8,11E-01	UNCHANGED
AT2G04170.3	3706,17	4	4804	4832	4846	6005	4977	5478	0,078198	4827	5487	1,14E+00	UNCHANGED
AT5G40770.1	2786,54	11	18535	21096	19142	28354	41528	23827	0,078475	19591	31236	1,59E+00	UNCHANGED
AT3G54400.1	724,37	7	22925	25766	30700	15525	13356	25934	0,079803	26464	18271	6,90E-01	UNCHANGED
AT4G26010.1	8418,76	16	134641	140414	142304	86622	111467	132865	0,080208	139120	110318	7,93E-01	UNCHANGED
AT5G11520.1	854,10	7	28651	25931	26438	42037	30363	31962	0,080707	27007	34787	1,29E+00	UNCHANGED
AT1G75780.1	10986,58	24	30851	32921	31927	92825	46643	51485	0,081186	31900	63651	2,00E+00	UNCHANGED
AT2G36580.1	920,55	3	23202	25954	21714	34361	24574	29426	0,081871	23623	29454	1,25E+00	UNCHANGED
AT4G31300.1	3161,78	6	29539	32256	31914	23371	23933	31037	0,081916	31236	26114	8,36E-01	UNCHANGED
AT1G12000.1	1928,74	19	57590	63697	49349	37966	34920	56137	0,082081	56879	43008	7,56E-01	UNCHANGED
AT5G44120.3	493,91	2	8509	14408	22557	9850	4868	5527	0,082207	15158	6748	4,45E-01	UNCHANGED
AT2G33150.1	6489,52	21	123505	115422	123516	176012	126587	149825	0,083231	120814	150808	1,25E+00	UNCHANGED
AT2G19590.1	1729,09	3	9697	17362	10944	7531	7489	7847	0,083629	12668	7622	6,02E-01	UNCHANGED
AT3G19390.1	3745,06	5	49531	53528	51959	59441	60882	83480	0,084663	51673	67934	1,31E+00	UNCHANGED
AT4G19410.1	3411,41	10	64717	42745	54998	35855	41868	46185	0,084909	54153	41303	7,63E-01	UNCHANGED

AT3G47370.2	6305,84	6	119226	86107	97439	30245	76397	88270	0,084932	100924	64971	6,44E-01	UNCHANGED
AT2G30970.1	2188,64	15	75940	71352	75578	70346	55909	68732	0,085103	74290	64996	8,75E-01	UNCHANGED
AT3G15660.1	1260,93	3	2834	2764	3712	3835	14029	9789	0,086643	3103	9218	2,97E+00	UNCHANGED
AT1G09620.1	293,22	2	16702	14794	15650	14899	14590	14330	0,087235	15715	14606	9,29E-01	UNCHANGED
AT2G20360.1	2159,56	13	82900	57651	76115	56711	50034	64710	0,087818	72222	57152	7,91E-01	UNCHANGED
AT1G51470.1	4864,10	20	67337	62822	74303	79389	70615	93116	0,089323	68154	81040	1,19E+00	UNCHANGED
AT3G58990.1	2606,48	4	11332	13182	12782	20940	14616	14457	0,089564	12432	16671	1,34E+00	UNCHANGED
AT4G20260.1	10977,16	10	177571	172190	179141	197548	176171	195640	0,089637	176301	189786	1,08E+00	UNCHANGED
AT1G35580.3	453,80	2	10133	6159	9407	6570	6801	5235	0,091643	8566	6202	7,24E-01	UNCHANGED
AT2G24940.1	3277,37	4	31776	49937	51523	28222	31161	37138	0,091814	44412	32174	7,24E-01	UNCHANGED
AT3G62120.1	469,55	5	18629	11886	12752	3437	12293	10708	0,09193	14422	8813	6,11E-01	UNCHANGED
AT2G21580.2	9438,93	4	28054	10484	14944	1231	14246	6265	0,092867	17827	7247	4,07E-01	UNCHANGED
AT5G61790.1	1160,32	12	36404	43356	42245	23840	41106	25532	0,093483	40668	30159	7,42E-01	UNCHANGED
AT5G47030.1	5191,30	7	58247	63637	58765	60408	89985	81307	0,094161	60216	77233	1,28E+00	UNCHANGED
AT4G27450.1	735,68	2	6703	9953	5929	8777	19274	29865	0,094352	7528	19305	2,56E+00	UNCHANGED
AT4G38740.1	10895,36	14	269588	291032	295044	254615	232969	283730	0,094386	285221	257105	9,01E-01	UNCHANGED
AT3G02080.1	11018,57	11	82842	52906	67614	28015	66526	40609	0,095441	67787	45050	6,65E-01	UNCHANGED
AT3G51800.3	928,15	3	44716	35814	44317	11604	39877	27003	0,095486	41616	26161	6,29E-01	UNCHANGED
AT3G32980.1	20884,23	22	658176	623632	730830	595426	611651	625153	0,095564	670879	610743	9,10E-01	UNCHANGED
AT3G17940.1	562,68	3	14196	15012	18241	12323	12230	15329	0,096316	15816	13294	8,41E-01	UNCHANGED
AT4G25900.1	1044,44	5	16581	9535	12172	6841	6539	12081	0,096888	12763	8487	6,65E-01	UNCHANGED
AT1G50480.1	847,40	11	33438	33344	34174	39899	33610	42182	0,097111	33652	38564	1,15E+00	UNCHANGED
AT3G21770.1	6490,28	16	89553	106385	103962	77528	84729	99140	0,098494	99967	87132	8,72E-01	UNCHANGED
AT5G17330.1	3184,22	9	52884	59732	44509	28500	50579	41205	0,098955	52375	40095	7,66E-01	UNCHANGED
AT1G70490.1	7081,55	11	123560	120260	99634	148016	128085	119365	0,100586	114484	131822	1,15E+00	UNCHANGED
AT3G14067.1	1025,12	7	31363	33167	34765	36541	40259	56755	0,102497	33098	44518	1,35E+00	UNCHANGED
AT5G28540.1	10505,99	34	144398	123606	123496	105478	107708	130432	0,103528	130500	114539	8,78E-01	UNCHANGED

AT3G02880.1	664,54	7	20889	21667	24685	13609	18467	22062	0,10498	22414	18046	8,05E-01	UNCHANGED
AT2G30110.1	331,76	4	20783	20183	18406	26970	20265	22553	0,106454	19791	23263	1,18E+00	UNCHANGED
AT1G18080.1	4117,23	17	92717	123250	101099	57215	102560	84470	0,106464	105689	81415	7,70E-01	UNCHANGED
AT4G20890.1	12206,85	27	29278	30131	26532	25588	26074	28240	0,108829	28647	26634	9,30E-01	UNCHANGED
AT3G02520.1	4303,54	10	7746	8879	9008	13482	48919	20525	0,10989	8544	27642	3,24E+00	UNCHANGED
AT1G31812.1	6328,37	5	23772	21238	21038	33470	122576	52905	0,110107	22016	69650	3,16E+00	UNCHANGED
AT5G20290.1	2827,06	8	36597	26136	20654	22359	9477	23425	0,110747	27796	18420	6,63E-01	UNCHANGED
AT5G13110.1	300,46	3	7045	7580	7597	6620	7477	6566	0,110896	7407	6888	9,30E-01	UNCHANGED
AT3G23940.2	405,18	3	26327	28644	24850	26118	17206	23039	0,111053	26607	22121	8,31E-01	UNCHANGED
AT3G04400.2	28055,41	9	218624	201599	239594	109184	223994	155041	0,111368	219939	162740	7,40E-01	UNCHANGED
AT2G38390.1	5155,76	10	47750	39752	58017	67538	48492	63366	0,111699	48506	59799	1,23E+00	UNCHANGED
AT2G15620.1	636,80	3	21453	20428	21674	21051	15058	18506	0,112333	21185	18205	8,59E-01	UNCHANGED
AT2G41840.1	14067,30	18	275315	139415	173149	109917	111543	158694	0,113128	195960	126718	6,47E-01	UNCHANGED
AT2G37970.1	2798,38	7	15976	16599	17908	56477	23729	25111	0,114631	16828	35106	2,09E+00	UNCHANGED
AT5G56500.1	521,91	6	27840	31286	24644	27004	24548	21702	0,114872	27923	24418	8,74E-01	UNCHANGED
AT1G03230.1	6121,68	19	148649	138229	143779	145977	148223	151844	0,115153	143552	148682	1,04E+00	UNCHANGED
AT3G02090.1	1899,25	18	99024	94469	107770	125412	137569	97535	0,116089	100421	120172	1,20E+00	UNCHANGED
AT3G20390.1	6800,37	10	58648	68682	66647	52875	65853	46417	0,116564	64659	55048	8,51E-01	UNCHANGED
AT1G13440.2	26534,55	24	92878	87952	89990	81012	89116	87986	0,118591	90273	86038	9,53E-01	UNCHANGED
AT2G07698.1	8050,32	28	290059	257293	249671	195354	261837	240510	0,119427	265674	232567	8,75E-01	UNCHANGED
AT1G01050.1	1530,46	3	14009	12341	14365	16157	37971	19976	0,119549	13572	24701	1,82E+00	UNCHANGED
AT5G18380.1	10928,56	7	124575	67274	91032	67039	68334	65377	0,120539	94294	66917	7,10E-01	UNCHANGED
AT5G34850.1	1571,55	6	40767	36585	41094	44115	42222	60563	0,120615	39482	48967	1,24E+00	UNCHANGED
AT4G26900.1	393,08	2	12269	13833	10786	12364	7326	9936	0,120988	12296	9875	8,03E-01	UNCHANGED
AT3G12915.1	5324,16	35	64251	62121	58580	47663	61510	56281	0,122191	61651	55151	8,95E-01	UNCHANGED
AT5G16050.1	3900,87	11	10167	9709	10761	13171	54924	23697	0,122715	10212	30597	3,00E+00	UNCHANGED
AT2G20580.1	249,29	2	7033	6868	6536	7817	12274	7653	0,124083	6812	9248	1,36E+00	UNCHANGED

AT2G33210.2	1728,95	16	32186	34059	33241	41446	40928	31915	0,124893	33162	38096	1,15E+00	UNCHANGED
AT3G10090.1	6755,41	4	101693	85216	91838	5540	66627	88363	0,125259	92916	53510	5,76E-01	UNCHANGED
AT1G16890.2	2367,99	6	12055	10656	13540	13053	22394	14543	0,125403	12084	16663	1,38E+00	UNCHANGED
AT3G58610.1	2583,56	10	75752	92885	70247	48679	74292	72765	0,126944	79628	65245	8,19E-01	UNCHANGED
AT5G47210.1	1728,60	7	46643	16189	43508	9282	28709	22048	0,128289	35447	20013	5,65E-01	UNCHANGED
AT5G55480.1	666,19	5	21779	22831	25760	31124	21882	32794	0,13276	23457	28600	1,22E+00	UNCHANGED
AT3G07480.1	1273,61	2	28193	24020	22853	46960	30224	26368	0,134505	25022	34517	1,38E+00	UNCHANGED
AT2G19730.1	11205,44	5	114660	55793	71558	17912	69575	62698	0,135097	80670	50062	6,21E-01	UNCHANGED
AT1G12310.1	2194,99	2	11484	11817	11859	13323	32462	16254	0,135561	11720	20679	1,76E+00	UNCHANGED
AT2G44100.2	1026,94	9	33447	37488	41618	46805	40649	38313	0,136199	37518	41923	1,12E+00	UNCHANGED
AT4G17530.1	2167,79	6	24286	28311	21465	25577	41986	28786	0,137492	24687	32116	1,30E+00	UNCHANGED
AT1G11860.1	1809,87	9	40358	38255	45115	79713	42220	51766	0,137583	41243	57900	1,40E+00	UNCHANGED
AT3G13930.1	1438,53	8	61195	56457	64878	61134	48610	56065	0,140549	60843	55270	9,08E-01	UNCHANGED
AT2G36530.1	29123,71	30	521513	520126	522895	423029	469328	533227	0,142058	521511	475194	9,11E-01	UNCHANGED
AT2G42520.1	604,61	7	10811	11054	11029	10895	8123	10275	0,144328	10965	9764	8,90E-01	UNCHANGED
AT3G12780.1	1339,73	12	16336	16035	12725	22704	13807	19856	0,144401	15032	18789	1,25E+00	UNCHANGED
AT2G44350.1	2282,58	15	34745	38807	39749	40787	87148	47261	0,145024	37767	58399	1,55E+00	UNCHANGED
AT4G32470.1	4553,51	4	18488	20456	24567	22697	67748	31696	0,145334	21170	40714	1,92E+00	UNCHANGED
AT4G20360.1	451,38	3	4406	4706	4396	4848	3200	2741	0,145509	4503	3596	7,99E-01	UNCHANGED
AT5G15090.1	8593,08	14	211176	231463	203902	203889	193118	212529	0,14614	215514	203179	9,43E-01	UNCHANGED
AT3G07390.1	5882,26	3	19433	14604	16265	29629	15056	23456	0,146307	16767	22714	1,35E+00	UNCHANGED
AT2G37870.1	13263,99	4	2949	2047	2534	16354	114031	15743	0,146409	2510	48709	1,94E+01	UNCHANGED
AT3G59920.1	1388,70	12	30208	29358	31403	29864	21342	28583	0,146761	30323	26596	8,77E-01	UNCHANGED
AT1G66410.1	3960,76	5	61266	44705	53453	60078	87970	54673	0,149479	53141	67574	1,27E+00	UNCHANGED
AT4G09000.1	5184,90	14	25447	25180	26435	23902	92522	44965	0,150145	25687	53796	2,09E+00	UNCHANGED
AT5G61780.1	484,36	13	20986	26791	19471	24529	26754	25116	0,151672	22416	25466	1,14E+00	UNCHANGED
AT5G17820.1	24456,58	22	436415	436508	441971	446128	449905	526666	0,152056	438298	474233	1,08E+00	UNCHANGED

AT3G52960.1	1617,15	7	38937	49950	40070	39264	33845	40970	0,152923	42986	38026	8,85E-01	UNCHANGED
AT4G16143.1	607,16	4	8791	12902	11052	10287	17519	13711	0,153242	10915	13839	1,27E+00	UNCHANGED
AT3G09440.1	13411,69	38	78458	75629	75485	85177	78496	76525	0,15418	76524	80066	1,05E+00	UNCHANGED
AT2G09990.1	2247,74	4	33702	15938	24610	17793	19369	16321	0,154296	24750	17828	7,20E-01	UNCHANGED
AT1G65980.1	18295,45	14	185170	177621	180340	211377	171799	215261	0,157368	181044	199479	1,10E+00	UNCHANGED
AT3G01280.1	7930,18	17	254335	244890	230740	246705	249580	263642	0,157726	243322	253309	1,04E+00	UNCHANGED
AT5G35590.1	1591,06	8	39679	35986	34849	31286	32406	38036	0,160634	36838	33909	9,20E-01	UNCHANGED
AT5G19760.1	2319,37	6	31701	38525	36479	24662	36962	30711	0,160748	35568	30778	8,65E-01	UNCHANGED
AT3G44110.2	604,34	4	48423	35934	45446	58342	39436	56960	0,160881	43268	51579	1,19E+00	UNCHANGED
AT5G65020.1	5258,74	14	47674	39101	36747	45977	113362	49530	0,161374	41174	69623	1,69E+00	UNCHANGED
AT2G21130.1	5100,30	10	1953	2065	2150	3742	1847	2706	0,16221	2056	2765	1,34E+00	UNCHANGED
AT5G63680.1	608,13	5	16772	19122	17330	17502	13054	17089	0,163579	17741	15882	8,95E-01	UNCHANGED
AT3G25860.1	1247,98	7	26604	31035	28666	18472	27720	28016	0,164601	28768	24736	8,60E-01	UNCHANGED
AT1G65930.1	17795,13	43	380758	358350	347828	287065	360458	350532	0,164649	362312	332685	9,18E-01	UNCHANGED
AT1G56190.2	3940,17	10	16660	13381	12780	13969	9398	13237	0,164692	14273	12201	8,55E-01	UNCHANGED
AT3G04790.1	963,89	2	26935	25404	25146	32730	24576	29159	0,165794	25828	28821	1,12E+00	UNCHANGED
AT5G40760.1	389,39	2	11088	10346	9791	22009	11967	10797	0,165884	10408	14924	1,43E+00	UNCHANGED
AT4G34450.1	514,82	5	25249	24055	20712	15942	24644	19696	0,168814	23339	20094	8,61E-01	UNCHANGED
AT1G07770.1	3536,42	5	80102	115463	89317	157879	130507	80909	0,172289	94961	123098	1,30E+00	UNCHANGED
AT4G20850.1	355,06	4	17084	14204	15716	15384	12518	15127	0,172482	15668	14343	9,15E-01	UNCHANGED
AT1G60710.1	1111,08	5	18429	19586	18304	16655	31633	23701	0,17528	18773	23996	1,28E+00	UNCHANGED
AT3G16430.1	10631,91	12	50313	55174	51025	46283	45397	54294	0,176202	52171	48658	9,33E-01	UNCHANGED
AT3G53870.1	5234,49	12	59314	53624	56739	61552	76929	54747	0,177035	56559	64409	1,14E+00	UNCHANGED
AT1G07660.1	16271,89	7	24534	12053	14993	20112	162337	31592	0,178471	17193	71347	4,15E+00	UNCHANGED
AT2G01140.1	4046,23	13	92588	81543	81609	72334	82294	84712	0,179286	85247	79780	9,36E-01	UNCHANGED
AT5G40370.1	4325,40	4	33367	35959	38943	52597	33151	42461	0,179371	36090	42736	1,18E+00	UNCHANGED
AT5G07440.1	13147,61	25	235938	208396	216643	347645	210936	246831	0,180142	220326	268471	1,22E+00	UNCHANGED

AT5G09810.1	16324,02	29	85048	82057	85166	77084	73459	87210	0,180379	84090	79251	9,42E-01	UNCHANGED
AT1G48600.1	1028,37	5	42756	34186	33222	35551	29006	34173	0,180554	36721	32910	8,96E-01	UNCHANGED
AT1G22300.1	1951,00	9	11690	7034	9068	7208	42109	15518	0,180693	9264	21612	2,33E+00	UNCHANGED
AT2G23350.1	330,44	3	17365	16832	15602	8008	16247	16021	0,18092	16600	13425	8,09E-01	UNCHANGED
AT2G44060.1	2640,41	9	94699	92174	86811	72591	97507	76324	0,181552	91228	82141	9,00E-01	UNCHANGED
AT2G45470.1	1520,46	5	74278	75931	90081	15234	63460	87358	0,181886	80097	55351	6,91E-01	UNCHANGED
AT1G48850.1	760,95	4	24585	20034	20067	21717	22705	33007	0,182814	21562	25810	1,20E+00	UNCHANGED
AT4G39260.1	40471,31	10	256073	288832	267384	270443	227545	263851	0,184718	270763	253946	9,38E-01	UNCHANGED
AT5G20080.1	2006,99	8	64933	68117	68796	70692	45378	60482	0,185043	67282	58851	8,75E-01	UNCHANGED
AT4G26690.1	1013,06	5	44842	47247	51095	73347	40466	62610	0,185441	47728	58808	1,23E+00	UNCHANGED
AT4G22670.1	1980,62	8	25140	29042	32308	13459	32155	22170	0,18578	28830	22595	7,84E-01	UNCHANGED
AT1G07920.1	16121,77	28	660810	678764	488685	484731	586887	543582	0,185957	609420	538400	8,83E-01	UNCHANGED
AT3G03780.1	11709,56	38	120731	120704	110174	117957	128103	119640	0,187989	117203	121900	1,04E+00	UNCHANGED
AT1G27970.1	3067,80	4	39513	48751	48732	33987	43809	45214	0,188418	45665	41003	8,98E-01	UNCHANGED
AT3G15730.1	1770,62	22	104324	108362	99101	93800	109466	68641	0,190135	103929	90636	8,72E-01	UNCHANGED
AT2G36160.1	12609,27	10	104209	76331	83913	42149	98135	68155	0,19023	88151	69480	7,88E-01	UNCHANGED
AT2G05990.1	1058,93	6	28998	29930	28461	20804	28309	29330	0,19142	29130	26147	8,98E-01	UNCHANGED
AT1G57720.1	3445,94	17	61560	80336	70518	71451	113415	73569	0,191505	70804	86145	1,22E+00	UNCHANGED
AT1G04170.1	454,83	2	11020	9340	10562	11212	7446	8484	0,193396	10307	9047	8,78E-01	UNCHANGED
AT3G51840.1	492,80	3	23892	21368	25809	22467	22817	21534	0,193665	23689	22273	9,40E-01	UNCHANGED
AT4G29410.1	2433,96	3	16662	6891	11097	3889	8484	11711	0,194481	11550	8028	6,95E-01	UNCHANGED
ATCG00490.1	2087,25	18	70258	98778	53367	141438	59570	102431	0,194666	74134	101146	1,36E+00	UNCHANGED
AT3G02530.1	558,75	3	16967	18620	15738	15317	26403	20127	0,194855	17108	20616	1,21E+00	UNCHANGED
AT1G78870.3	2367,99	5	6935	5994	7929	4616	7832	5005	0,198233	6953	5818	8,37E-01	UNCHANGED
AT1G79550.1	14541,42	28	277518	258733	239208	307905	251079	273967	0,198352	258486	277650	1,07E+00	UNCHANGED
AT2G17130.2	638,46	5	19236	14038	22615	13857	15244	18437	0,198663	18630	15846	8,51E-01	UNCHANGED
AT1G77510.1	1277,81	12	24470	27056	27673	36208	25773	27516	0,200702	26400	29832	1,13E+00	UNCHANGED

AT1G58380.1	14553,06	15	231709	144591	172624	134654	127799	193295	0,201241	182975	151916	8,30E-01	UNCHANGED
AT1G34430.1	992,47	2	12515	14886	10679	8551	10284	13765	0,203055	12693	10866	8,56E-01	UNCHANGED
AT1G35720.1	13427,62	24	117579	147202	130959	135281	349908	133390	0,205032	131913	206193	1,56E+00	UNCHANGED
AT1G78830.1	1524,18	5	36968	39338	32989	76672	26239	51509	0,205143	36432	51473	1,41E+00	UNCHANGED
AT1G56070.1	10378,19	57	328417	364795	306740	251085	344669	313848	0,207061	333317	303201	9,10E-01	UNCHANGED
AT3G59970.3	2677,93	18	55493	69911	64303	74071	60322	71567	0,207265	63236	68653	1,09E+00	UNCHANGED
AT1G53310.1	481,73	11	41475	36446	41160	24451	48434	18386	0,209623	39694	30424	7,66E-01	UNCHANGED
AT5G54640.1	3091,09	3	80255	68937	78918	73962	150642	78431	0,21053	76037	101011	1,33E+00	UNCHANGED
AT1G22780.1	12355,62	8	32857	12420	28544	7256	75916	51721	0,210586	24607	44965	1,83E+00	UNCHANGED
AT3G52500.1	1121,02	4	35276	33161	36934	32373	19689	37422	0,211068	35123	29828	8,49E-01	UNCHANGED
AT3G16400.1	11797,16	32	271532	253291	278733	242605	250118	276426	0,211599	267852	256383	9,57E-01	UNCHANGED
AT1G13060.1	2312,64	7	37209	35905	38342	22910	40077	33537	0,212477	37152	32175	8,66E-01	UNCHANGED
AT1G18270.1	262,31	3	19148	19171	17119	39420	16884	20113	0,212573	18479	25472	1,38E+00	UNCHANGED
AT3G53420.1	3328,09	5	62818	52390	70909	13004	65837	57961	0,213571	62039	45600	7,35E-01	UNCHANGED
AT3G25530.2	867,94	2	17013	23078	19362	17868	27972	22717	0,216911	19818	22852	1,15E+00	UNCHANGED
AT1G14980.1	10542,94	4	52475	44994	53057	41797	85272	60080	0,218049	50175	62383	1,24E+00	UNCHANGED
AT1G30730.1	331,16	2	4841	6962	5151	3833	10019	8585	0,2185	5651	7479	1,32E+00	UNCHANGED
AT5G55070.1	782,33	2	54225	51152	59924	75014	51924	58373	0,220622	55100	61770	1,12E+00	UNCHANGED
AT2G45290.1	837,89	7	13380	15019	13040	10224	12081	15058	0,223592	13813	12455	9,02E-01	UNCHANGED
AT4G19880.1	538,76	3	25052	26716	26964	14191	30865	20243	0,227806	26244	21766	8,29E-01	UNCHANGED
AT3G08590.1	1395,78	23	39925	35154	37099	37001	39630	39668	0,228884	37393	38766	1,04E+00	UNCHANGED
AT1G70770.1	566,84	4	18895	22550	21665	8789	25367	15761	0,229362	21037	16639	7,91E-01	UNCHANGED
AT5G38480.1	3450,09	12	24759	24937	22668	18551	55451	28442	0,229656	24121	34148	1,42E+00	UNCHANGED
AT5G60640.1	1003,49	17	37169	50387	47175	44876	34456	42844	0,230008	44910	40725	9,07E-01	UNCHANGED
AT5G05010.1	359,36	2	18104	20125	20623	14147	17738	21285	0,231302	19617	17723	9,03E-01	UNCHANGED
AT2G22230.1	1333,26	4	33570	26159	35509	53872	29149	33130	0,233323	31746	38717	1,22E+00	UNCHANGED
AT5G08670.1	27278,97	38	456885	485074	467494	493750	479508	464546	0,233628	469818	479268	1,02E+00	UNCHANGED

AT3G25520.1	5348,18	9	40542	21048	26881	13919	22169	33110	0,233933	29490	23066	7,82E-01	UNCHANGED
AT3G18190.1	482,90	2	28175	29225	21269	22606	26156	23035	0,23416	26223	23932	9,13E-01	UNCHANGED
AT1G74050.1	5333,20	9	5586	1344	4654	542	7853	12707	0,235776	3861	7034	1,82E+00	UNCHANGED
AT4G11010.1	3257,69	8	112030	121759	123449	151341	107079	132894	0,236572	119079	130438	1,10E+00	UNCHANGED
AT1G18540.1	5887,15	11	11068	2418	12645	3841	14771	23201	0,236879	8711	13938	1,60E+00	UNCHANGED
AT3G55440.1	16366,71	23	238604	303919	245238	229658	256905	246011	0,238713	262587	244191	9,30E-01	UNCHANGED
AT1G72370.1	15837,83	14	138660	163353	152207	94839	174760	123233	0,239339	151407	130944	8,65E-01	UNCHANGED
AT3G52560.1	1554,24	3	30525	25714	37636	32979	25211	25564	0,239688	31292	27918	8,92E-01	UNCHANGED
AT1G17290.1	2023,94	13	28633	33487	28067	30459	29502	37241	0,240674	30063	32401	1,08E+00	UNCHANGED
AT2G43610.1	4815,67	9	61166	65572	50748	61511	48137	54220	0,241008	59162	54623	9,23E-01	UNCHANGED
AT2G44160.1	1728,78	15	27697	30383	27260	34702	27376	29128	0,241088	28447	30402	1,07E+00	UNCHANGED
AT5G27470.1	290,97	2	14456	11467	13541	10440	15680	6350	0,24236	13155	10823	8,23E-01	UNCHANGED
AT2G47730.1	17041,95	17	115510	113659	114542	102374	220202	115985	0,242525	114570	146187	1,28E+00	UNCHANGED
AT5G58290.1	1309,61	8	33462	30039	30754	31485	44448	29898	0,246471	31418	35277	1,12E+00	UNCHANGED
AT2G42740.1	12745,41	9	147396	126328	105483	81556	141273	108346	0,247277	126402	110392	8,73E-01	UNCHANGED
AT5G20890.1	617,75	2	18521	29559	23581	20424	26749	12996	0,247966	23887	20056	8,40E-01	UNCHANGED
AT1G66240.1	1521,87	2	63087	40973	38662	48842	49116	66849	0,248559	47574	54935	1,15E+00	UNCHANGED
AT3G20370.1	3673,30	15	96332	95688	111047	126173	88495	117484	0,248769	101022	110717	1,10E+00	UNCHANGED
AT2G39310.1	1816,19	20	86512	44623	71094	169476	49858	74081	0,249633	67409	97805	1,45E+00	UNCHANGED
AT2G17420.1	3664,54	13	85177	86877	92653	104042	82059	94542	0,249698	88235	93548	1,06E+00	UNCHANGED
AT5G63400.1	2585,43	9	17810	11516	15108	11447	45296	14330	0,249937	14811	23691	1,60E+00	UNCHANGED
AT1G54000.1	16932,55	18	386861	391412	416434	431999	308758	366147	0,250468	398236	368968	9,27E-01	UNCHANGED
AT1G23820.2	1503,94	6	25329	27326	24396	21308	33453	31391	0,253181	25684	28718	1,12E+00	UNCHANGED
AT3G02230.1	17544,51	25	152550	153289	165541	142635	192837	171195	0,25406	157127	168889	1,07E+00	UNCHANGED
AT4G16720.1	2549,76	2	96534	47639	66694	64790	29751	73748	0,254221	70289	56096	7,98E-01	UNCHANGED
AT3G58730.1	1192,37	3	7343	7647	6724	5393	21338	7083	0,254449	7238	11271	1,56E+00	UNCHANGED
AT1G56330.1	1651,98	6	51243	54880	52140	52342	76391	49769	0,255194	52755	59500	1,13E+00	UNCHANGED

AT3G22960.1	506,27	4	31215	27005	24025	22092	25868	28329	0,256468	27415	25429	9,28E-01	UNCHANGED
AT1G47600.1	4927,69	21	79692	76627	88768	86748	75443	101748	0,256526	81696	87980	1,08E+00	UNCHANGED
AT1G20950.1	505,04	5	24954	29801	24923	20249	29497	22920	0,256586	26559	24222	9,12E-01	UNCHANGED
AT4G23100.1	404,14	2	36896	32453	39935	30477	36504	36038	0,2566	36428	34340	9,43E-01	UNCHANGED
AT3G46440.1	2060,15	11	14539	13005	13080	11669	25191	13679	0,257748	13541	16846	1,24E+00	UNCHANGED
AT5G19990.1	1463,93	7	29113	18106	19778	14085	25585	16929	0,257856	22332	18866	8,45E-01	UNCHANGED
AT5G61170.1	10933,69	9	38338	23893	27368	27315	57843	28490	0,259915	29866	37883	1,27E+00	UNCHANGED
AT3G09840.1	3780,11	43	63229	63459	67566	65233	70783	63739	0,259968	64751	66585	1,03E+00	UNCHANGED
AT1G11580.1	3116,56	18	96425	145761	124637	133984	132800	133017	0,261116	122274	133267	1,09E+00	UNCHANGED
AT3G57610.1	1043,47	7	22860	27292	21824	26562	15457	22135	0,26255	23992	21385	8,91E-01	UNCHANGED
AT4G25740.1	2929,92	4	28072	33748	32986	12868	126195	34636	0,264005	31602	57899	1,83E+00	UNCHANGED
AT1G79330.1	1048,15	3	8565	7609	8086	8655	5019	8023	0,264612	8087	7232	8,94E-01	UNCHANGED
AT3G09820.1	20118,97	23	156229	153835	159057	162368	146525	186399	0,265521	156373	165098	1,06E+00	UNCHANGED
AT2G24200.1	4348,49	25	93889	104355	90606	86603	103017	124576	0,266099	96283	104732	1,09E+00	UNCHANGED
AT2G30490.1	1191,27	9	33779	33765	35854	28423	64207	35361	0,26628	34466	42663	1,24E+00	UNCHANGED
AT5G59290.1	1983,04	11	15565	13973	14054	12491	26964	14318	0,267083	14531	17925	1,23E+00	UNCHANGED
AT1G53240.1	23328,68	22	248077	283206	261925	264172	222968	269547	0,269135	264403	252229	9,54E-01	UNCHANGED
AT5G15490.1	920,78	8	7271	12102	7672	5262	8470	9308	0,269286	9015	7680	8,52E-01	UNCHANGED
AT1G02335.1	1901,99	3	112991	111449	128119	138342	105856	131620	0,269433	117519	125273	1,07E+00	UNCHANGED
AT5G13420.1	2036,61	13	73418	95849	71727	49414	90055	72858	0,270409	80331	70776	8,81E-01	UNCHANGED
AT3G13920.1	5175,21	24	159471	152036	168063	150544	163325	153663	0,271355	159857	155844	9,75E-01	UNCHANGED
AT5G27670.1	2092,07	2	28166	27128	26948	24782	53714	24524	0,27445	27414	34340	1,25E+00	UNCHANGED
AT3G47800.1	657,04	2	6812	6720	9260	5675	7481	7587	0,274548	7597	6914	9,10E-01	UNCHANGED
AT5G66280.1	382,04	2	28520	30465	31875	35135	26559	19448	0,275932	30287	27047	8,93E-01	UNCHANGED
AT2G16600.1	11738,19	8	273203	229615	245353	258612	239532	286205	0,276109	249391	261450	1,05E+00	UNCHANGED
AT2G21870.2	1731,61	10	55560	36850	42790	45144	69286	41186	0,276933	45067	51872	1,15E+00	UNCHANGED
AT4G34110.1	552,15	9	17783	23404	23324	19260	20357	20965	0,279529	21504	20194	9,39E-01	UNCHANGED

AT5G44380.1	366,84	4	60012	56016	55822	52701	61129	66375	0,282427	57283	60068	1,05E+00	UNCHANGED
AT1G43170.1	2683,51	19	52060	36632	35572	43036	13594	45435	0,283442	41421	34021	8,21E-01	UNCHANGED
AT3G17240.1	2841,01	11	61290	65279	69332	66052	63384	73674	0,28486	65301	67703	1,04E+00	UNCHANGED
AT3G09630.1	12896,77	27	16587	3801	27676	3392	13398	80430	0,286642	16021	32407	2,02E+00	UNCHANGED
AT5G15200.1	7210,38	9	29257	11290	42028	9501	49478	55128	0,286956	27525	38036	1,38E+00	UNCHANGED
AT4G22930.1	990,12	3	22149	27123	24140	26562	21888	20924	0,292471	24471	23125	9,45E-01	UNCHANGED
AT5G27850.1	5581,84	8	56772	21052	36102	21087	28633	42527	0,294595	37976	30749	8,10E-01	UNCHANGED
AT1G07890.3	33423,33	23	603511	554459	566332	651324	563063	568077	0,294873	574767	594155	1,03E+00	UNCHANGED
AT3G11830.1	895,10	9	23906	31974	24350	10156	32565	24662	0,296437	26743	22461	8,40E-01	UNCHANGED
AT4G15390.1	621,80	4	18643	24790	24755	20559	19626	23780	0,297431	22729	21322	9,38E-01	UNCHANGED
AT1G04270.1	11383,11	7	113172	47955	79955	15370	92927	80283	0,299371	80361	62860	7,82E-01	UNCHANGED
AT1G16300.1	2495,41	9	8566	8804	8957	8786	8158	10966	0,299915	8776	9303	1,06E+00	UNCHANGED
AT1G51980.1	4242,37	24	117112	115186	125477	144725	107676	125023	0,304414	119259	125808	1,05E+00	UNCHANGED
AT5G44130.1	1039,36	3	36195	40278	48354	46134	32793	61147	0,306411	41609	46691	1,12E+00	UNCHANGED
AT1G76030.1	8429,56	32	221749	211856	185814	247064	192901	211305	0,306593	206473	217090	1,05E+00	UNCHANGED
AT3G06720.1	821,62	5	13431	13466	13991	12329	18242	13520	0,307341	13629	14697	1,08E+00	UNCHANGED
AT3G04840.1	8930,02	14	37719	20336	36736	10301	34102	34359	0,308276	31597	26254	8,31E-01	UNCHANGED
AT4G24830.2	1204,34	3	42634	47584	35998	36756	50372	47813	0,308724	42072	44980	1,07E+00	UNCHANGED
AT1G05260.1	12046,33	21	164079	176956	176648	210976	147617	192129	0,310178	172561	183574	1,06E+00	UNCHANGED
AT5G23540.2	979,06	4	15133	16438	15805	12083	17007	15698	0,310931	15792	14930	9,45E-01	UNCHANGED
AT5G04800.1	9499,61	3	67141	44682	46133	22822	131342	59367	0,311665	52652	71177	1,35E+00	UNCHANGED
AT5G60980.1	1047,22	6	37889	27746	31089	13686	27833	41165	0,312704	32241	27561	8,55E-01	UNCHANGED
AT3G54640.1	2454,08	6	53743	67310	46804	68976	51773	59259	0,316247	55952	60003	1,07E+00	UNCHANGED
AT3G12290.1	2754,46	7	34987	35762	31307	47720	31259	32144	0,316606	34019	37041	1,09E+00	UNCHANGED
AT2G16360.1	10300,96	4	42449	15962	21605	16658	73249	21795	0,316663	26672	37234	1,40E+00	UNCHANGED
AT4G30190.1	609,39	9	37784	28125	34450	8201	48572	23746	0,317117	33453	26839	8,02E-01	UNCHANGED
AT2G39990.1	1384,26	7	27118	27996	31665	31659	18444	29659	0,317533	28927	26588	9,19E-01	UNCHANGED

AT1G79750.1	1973,72	3	7323	6689	7935	6759	7044	7496	0,319561	7316	7100	9,70E-01	UNCHANGED
AT5G44070.1	986,29	2	28872	22805	28374	31672	20541	21557	0,319935	26684	24590	9,22E-01	UNCHANGED
AT1G12840.1	878,36	4	44446	48825	45648	53919	54092	39110	0,32092	46306	49040	1,06E+00	UNCHANGED
AT3G46030.1	9455,11	4	69583	21105	29228	9840	91908	61260	0,321318	39972	54336	1,36E+00	UNCHANGED
AT5G13430.1	1124,78	2	29651	28228	28337	36628	26351	28358	0,321522	28739	30445	1,06E+00	UNCHANGED
AT3G08580.1	6610,30	18	232843	190083	215963	232558	260804	184411	0,322646	212963	225924	1,06E+00	UNCHANGED
AT1G31180.1	462,65	3	2699	4630	3567	3226	4016	2626	0,32345	3632	3289	9,06E-01	UNCHANGED
AT3G11130.1	330,01	8	22143	20601	20841	16453	33884	21299	0,328734	21195	23878	1,13E+00	UNCHANGED
AT2G44120.1	11411,02	14	32366	3336	30366	1583	22364	25070	0,330116	22023	16339	7,42E-01	UNCHANGED
AT5G16130.1	2407,08	6	14930	5989	10250	4827	20363	13283	0,334308	10390	12824	1,23E+00	UNCHANGED
AT5G02870.2	13340,50	23	13753	2594	22178	2321	8717	50678	0,335484	12842	20572	1,60E+00	UNCHANGED
AT1G70600.1	2076,46	3	72362	32607	50707	60984	18389	52549	0,33623	51892	43974	8,47E-01	UNCHANGED
AT5G23740.1	12605,62	10	57094	18178	75892	3020	24142	83637	0,337348	50388	36933	7,33E-01	UNCHANGED
AT2G20140.1	898,84	3	20775	19026	18118	9385	26521	14648	0,338721	19306	16851	8,73E-01	UNCHANGED
AT4G13360.1	376,74	2	8642	10036	9878	6410	11782	13452	0,339349	9519	10548	1,11E+00	UNCHANGED
AT4G27090.1	1916,87	3	38197	20265	19988	14072	51132	29847	0,341137	26150	31684	1,21E+00	UNCHANGED
AT5G17770.1	3085,76	9	53049	45880	49354	48293	51986	43937	0,343054	49428	48072	9,73E-01	UNCHANGED
AT1G09590.1	4537,77	5	29606	13984	16856	4725	9343	33059	0,343192	20148	15709	7,80E-01	UNCHANGED
AT4G26110.2	1128,07	4	11474	11969	16230	11799	22076	10932	0,346241	13224	14935	1,13E+00	UNCHANGED
AT1G45145.1	3946,11	7	62283	74746	70928	48258	77418	69890	0,347883	69319	65188	9,40E-01	UNCHANGED
AT2G01250.1	12587,31	14	20293	1474	25667	1993	25448	35324	0,350509	15811	20921	1,32E+00	UNCHANGED
AT5G51970.1	954,48	3	20212	21556	20217	30266	15803	21179	0,359344	20662	22416	1,08E+00	UNCHANGED
AT3G09680.1	3283,25	3	21010	10178	8428	8949	11761	26702	0,361271	13205	15804	1,20E+00	UNCHANGED
AT2G18020.1	5253,68	7	21731	15845	15132	7775	7534	28761	0,363807	17570	14690	8,36E-01	UNCHANGED
AT4G34200.1	2667,74	18	112359	157153	120376	111249	122222	138422	0,364789	129963	123964	9,54E-01	UNCHANGED
AT1G78900.1	7988,56	45	181385	195414	187654	175566	192033	189601	0,365724	188151	185734	9,87E-01	UNCHANGED
AT2G41800.1	767,94	5	23392	18556	21126	20830	19131	25742	0,369017	21025	21901	1,04E+00	UNCHANGED

AT3G09810.1	551,93	3	7266	7751	7451	5401	11431	7628	0,371329	7489	8153	1,09E+00	UNCHANGED
AT4G24280.1	555,03	7	18156	22889	23045	23446	17308	20823	0,37214	21363	20526	9,61E-01	UNCHANGED
AT1G20010.1	11826,19	30	32733	37906	36315	51553	33842	29237	0,372941	35651	38211	1,07E+00	UNCHANGED
AT2G14740.1	420,12	3	7847	5434	7579	8713	5349	8141	0,373697	6953	7401	1,06E+00	UNCHANGED
AT3G17810.1	1130,95	8	49551	41457	49502	39883	56253	50095	0,374867	46837	48744	1,04E+00	UNCHANGED
AT5G14040.1	1366,69	6	71146	51054	53697	62298	55676	50756	0,379745	58633	56243	9,59E-01	UNCHANGED
AT4G38220.1	1271,80	7	16120	19781	20928	14058	21974	18177	0,383007	18943	18070	9,54E-01	UNCHANGED
AT2G20420.1	2158,42	15	61943	63478	56261	52407	68541	66055	0,384536	60560	62334	1,03E+00	UNCHANGED
AT5G15650.1	13142,62	26	120718	124677	125600	89876	147898	116487	0,385736	123665	118087	9,55E-01	UNCHANGED
AT1G18210.1	1474,14	4	37952	36960	33748	31420	36025	38848	0,3863	36220	35431	9,78E-01	UNCHANGED
AT2G32060.1	5276,33	6	29732	32749	29676	20475	49234	30798	0,386487	30719	33502	1,09E+00	UNCHANGED
AT4G35830.1	5298,51	41	83661	85653	83217	87970	76035	93663	0,387015	84177	85890	1,02E+00	UNCHANGED
AT4G36130.1	3550,96	7	3051	2099	1969	1115	957	4034	0,387274	2373	2035	8,58E-01	UNCHANGED
AT3G23990.1	2753,28	22	76113	80285	67245	68695	83313	65499	0,388494	74548	72503	9,73E-01	UNCHANGED
AT3G44320.1	1521,89	5	16641	17780	18788	19443	14259	18025	0,394384	17736	17242	9,72E-01	UNCHANGED
AT1G79340.1	1712,66	9	70692	60602	67549	81245	59572	64347	0,395364	66281	68388	1,03E+00	UNCHANGED
AT1G15930.2	7640,06	6	45120	53692	50161	33813	63485	43707	0,396885	49658	47002	9,47E-01	UNCHANGED
AT3G60750.2	2398,04	21	62928	67121	61554	52635	60468	73103	0,397721	63868	62069	9,72E-01	UNCHANGED
AT1G66580.1	5567,26	6	11542	7245	15176	6334	4606	30401	0,399712	11321	13780	1,22E+00	UNCHANGED
AT1G45000.1	1923,76	6	27232	21624	18995	21743	38641	13887	0,401415	22617	24757	1,09E+00	UNCHANGED
AT3G13580.1	6117,05	11	4072	321	4006	272	2872	3948	0,402551	2800	2364	8,44E-01	UNCHANGED
AT5G41520.1	4169,67	6	10298	11404	13382	7348	25698	7162	0,404158	11695	13402	1,15E+00	UNCHANGED
AT3G06050.1	2260,77	7	46792	46800	49886	58525	34656	56175	0,410687	47826	49785	1,04E+00	UNCHANGED
AT1G64190.1	2362,35	19	45223	46847	43906	39176	56163	44523	0,410777	45325	46621	1,03E+00	UNCHANGED
AT2G34480.1	4118,92	9	35337	11543	48406	5546	17651	94012	0,41196	31762	39069	1,23E+00	UNCHANGED
AT1G14320.2	5194,91	5	18332	5222	21283	5794	9378	24331	0,412468	14946	13168	8,81E-01	UNCHANGED
AT1G27130.1	1144,81	3	29757	36151	29869	23123	44994	32552	0,413061	31926	33556	1,05E+00	UNCHANGED

AT5G08300.1	1533,32	7	67784	66184	62040	70688	54286	67471	0,419993	65336	64148	9,82E-01	UNCHANGED
AT3G14310.1	1279,64	9	86639	99692	85179	86582	104866	73691	0,423894	90504	88380	9,77E-01	UNCHANGED
AT3G17020.1	3054,50	5	25549	32205	24415	32748	29736	22059	0,426798	27390	28181	1,03E+00	UNCHANGED
AT4G11150.1	5574,97	17	97423	93088	99978	76408	146042	81734	0,428762	96830	101395	1,05E+00	UNCHANGED
AT5G23250.1	932,88	4	17990	17070	16555	17939	14198	18620	0,429034	17205	16919	9,83E-01	UNCHANGED
AT4G14030.1	2160,09	15	57154	64742	65164	66324	51344	73527	0,429409	62353	63732	1,02E+00	UNCHANGED
AT4G37870.1	1725,51	14	42266	44238	40669	51660	37765	40181	0,434746	42391	43202	1,02E+00	UNCHANGED
AT2G27720.1	17798,29	7	69608	78669	78836	60239	77202	95469	0,435039	75704	77637	1,03E+00	UNCHANGED
AT1G67430.1	10685,26	7	120672	37019	111022	20992	79783	144894	0,435986	89571	81890	9,14E-01	UNCHANGED
AT1G33120.1	16531,34	14	122041	47109	78699	33912	85861	112315	0,438131	82616	77363	9,36E-01	UNCHANGED
AT4G24190.1	985,94	12	40856	17359	26420	13355	33900	32650	0,438375	28212	26635	9,44E-01	UNCHANGED
AT2G02930.1	17882,52	13	5329	3912	4452	2037	7601	3148	0,438671	4564	4262	9,34E-01	UNCHANGED
AT5G11170.1	994,89	9	22344	35687	21836	22536	32198	22368	0,438776	26622	25701	9,65E-01	UNCHANGED
AT5G17920.1	20687,87	55	576279	582760	537519	520326	609959	581292	0,438882	565519	570526	1,01E+00	UNCHANGED
AT5G10860.1	3959,79	11	61113	55967	55982	28849	69135	68480	0,442271	57687	55488	9,62E-01	UNCHANGED
AT4G23690.1	1316,68	4	20215	16064	21844	11698	20574	24017	0,44509	19374	18763	9,68E-01	UNCHANGED
AT3G48930.1	17783,39	13	96035	22145	116271	8271	57368	197317	0,445291	78150	87652	1,12E+00	UNCHANGED
AT2G17360.1	11973,81	18	74700	19050	86895	20658	38234	140012	0,447605	60215	66301	1,10E+00	UNCHANGED
AT2G47470.1	1975,69	11	62123	58914	55488	50584	73236	55755	0,448952	58842	59858	1,02E+00	UNCHANGED
AT3G47520.1	8542,97	26	206485	217587	201711	210177	186872	223933	0,450727	208594	206994	9,92E-01	UNCHANGED
AT3G02560.1	1384,96	5	14196	5933	8887	5975	15118	9180	0,456613	9672	10091	1,04E+00	UNCHANGED
AT2G43750.1	2333,80	9	17213	19514	16297	15551	19494	18509	0,456797	17675	17851	1,01E+00	UNCHANGED
AT4G39200.2	10954,67	5	14760	5644	5661	1400	16246	6623	0,458056	8688	8089	9,31E-01	UNCHANGED
AT1G78570.1	862,79	11	22494	21931	23685	24084	22581	21107	0,458611	22703	22591	9,95E-01	UNCHANGED
AT1G53850.1	832,36	2	15102	14873	13722	9938	18207	14745	0,46077	14566	14296	9,82E-01	UNCHANGED
AT3G20000.1	673,60	2	4189	6102	5284	3465	9019	3667	0,463675	5191	5384	1,04E+00	UNCHANGED
AT2G18960.1	547,10	8	19998	12463	15582	3922	27668	14274	0,463814	16014	15288	9,55E-01	UNCHANGED

AT2G04780.1	5437,53	3	5786	28294	17441	6864	11414	30442	0,464053	17174	16240	9,46E-01	UNCHANGED
AT1G09640.2	2899,18	7	33095	42445	36304	22584	55093	37080	0,464448	37281	38252	1,03E+00	UNCHANGED
AT5G07030.1	3452,47	20	136083	134447	150952	162655	111951	151631	0,464877	140494	142079	1,01E+00	UNCHANGED
AT1G79920.1	2190,39	25	35262	41614	36604	40164	35933	36746	0,466148	37827	37614	9,94E-01	UNCHANGED
AT4G13940.1	15598,59	32	268702	213792	213813	184766	289629	231242	0,467565	232102	235212	1,01E+00	UNCHANGED
AT4G34670.1	8075,25	11	23601	14845	24689	8651	25729	30626	0,468991	21045	21669	1,03E+00	UNCHANGED
AT4G24620.1	815,43	5	27095	33258	30655	29563	32138	28839	0,47199	30336	30180	9,95E-01	UNCHANGED
AT3G55280.3	6154,51	4	8303	3209	11645	3012	8183	11240	0,473733	7719	7478	9,69E-01	UNCHANGED
AT2G21170.2	1681,42	9	49238	48210	48588	52751	42848	51121	0,473874	48679	48906	1,00E+00	UNCHANGED
AT3G16450.1	14675,77	20	265178	244145	289815	356099	175256	256469	0,474985	266380	262608	9,86E-01	UNCHANGED
AT4G18100.1	8961,38	8	36864	15503	24750	3872	18226	58642	0,47504	25705	26913	1,05E+00	UNCHANGED
AT4G34870.1	25622,83	12	452384	472146	494562	564114	391042	454222	0,477748	473031	469793	9,93E-01	UNCHANGED
AT1G47260.1	3192,21	14	48227	48324	45740	69269	37691	37309	0,478046	47430	48090	1,01E+00	UNCHANGED
AT3G06850.1	548,43	2	13002	21961	25115	22077	12792	26124	0,478688	20026	20331	1,02E+00	UNCHANGED
AT5G37600.1	3309,28	14	55980	73682	65120	62617	53868	76951	0,480164	64928	64478	9,93E-01	UNCHANGED
AT5G59090.1	3227,16	18	190954	197692	219367	248213	154779	201416	0,484705	202671	201469	9,94E-01	UNCHANGED
AT1G53750.1	861,56	4	17246	23092	22283	16201	29940	17075	0,484972	20873	21072	1,01E+00	UNCHANGED
AT2G05710.1	5142,17	46	90436	93210	91215	94032	80034	100117	0,48663	91621	91394	9,98E-01	UNCHANGED
AT3G51260.1	2564,92	9	44814	35362	43710	21964	52624	48549	0,491064	41295	41046	9,94E-01	UNCHANGED
AT3G05560.1	2501,63	2	45363	26407	23685	19232	47975	27616	0,49279	31818	31608	9,93E-01	UNCHANGED
AT2G47110.1	4459,28	7	133569	60532	104895	100555	78726	121044	0,493322	99665	100108	1,00E+00	UNCHANGED
AT2G19480.3	972,09	3	15127	12432	11305	8822	18931	11270	0,494052	12954	13008	1,00E+00	UNCHANGED
AT3G16470.1	10615,67	17	274792	265967	247947	215591	282801	290837	0,497501	262902	263076	1,00E+00	UNCHANGED
AT4G35630.1	4875,62	22	88566	175774	172789	171283	74176	192279	0,49836	145710	145913	1,00E+00	UNCHANGED
AT5G56030.1	4875,91	36	152984	41995	60828	34852	126876	93703	0,498925	85269	85144	9,99E-01	UNCHANGED
AT5G59880.2	6200,53	5	38484	42147	39387	21012	65307	33643	0,499509	40006	39988	1,00E+00	UNCHANGED
AT5G20250.1	826,65	7	16012	16722	19968	1381	2757	-1	0,000402	17567	1379	7,85E-02	-

AT1G62380.1	2022,94	4	6477	9370	12923	-1	5004	-1	0,017266	9590	1667	1,74E-01	-
AT5G59310.1	2724,85	2	-1	-1	-1	-1	8305	2145	0,148302	-1	3483	-3,48E+03	-
AT3G60900.1	1197,87	2	644	-1	2958	-1	-1	-1	0,156491	1200	-1	-8,33E-04	-
AT3G62870.1	2346,70	10	6136	-1	5341	-1	7658	13543	0,256706	3825	7067	1,85E+00	-
AT3G60770.1	7062,33	8	13332	5038	13925	-1	11016	28334	0,404263	10765	13116	1,22E+00	-
AT4G38680.1	3160,99	2	82037	152586	83446	-1	139545	185955	0,485111	106023	108500	1,02E+00	-